

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM

Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICH NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ :	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040
C12N 15/00		(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).
(22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99)		
(30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE		Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).		
(72) Erfinder; und		
(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißenberg (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE**(54) Bezeichnung:** MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE**(57) Abstract**

The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	IU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumorgewebe,
5 die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die
mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen
Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
25 experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank
verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-
Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide).
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.
Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit
45 die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,
50 Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene
Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwarereprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovartumorgewebe erhöht exprimiert sind.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

35 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

40 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

45 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

50 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

55 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

- 5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-
10 Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
15 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).
Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 **Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen**

- Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- 25 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 30 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- 35 Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 40 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 **Erklärung zu den Alignmentparametern**

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- 15 Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.

20

Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

25

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovariumgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2**Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster**

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

30

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

35

40

50

55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
Brust	0.0141	0.0244	0.5758 1.7366
Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991
Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645 6.0803
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038 1.6562
Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390 0.8780
Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299 0.6536
Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
Haut	0.0110	0.0847	0.1300 7.6946
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
Herz	0.0233	0.0000	undef 0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
Lunge	0.0062	0.0143	0.4355 2.2964
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
10	Zervix	0.0426			

		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

30		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0083			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
Blase	0.0117	0.0128	0.9153 1.0926
Brust	0.0090	0.0169	0.5293 1.8893
Duenndarm	0.0092	0.0331	0.2781 3.5964
Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795 2.0856
Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390 0.8780
Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020 0.7133
Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941 10.6267
Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
Herz	0.0307	0.0137	2.2358 0.4473
Hoden	0.0115	0.0819	0.1406 7.1142
Lunge	0.0104	0.0286	0.3629 2.7557
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908 0.5289
Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282 1.5918
Niere	0.0163	0.0342	0.4758 2.1016
Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966 0.8357
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
Prostata	0.0174	0.0234	0.7445 1.3433
Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512 19.5264
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611 1.7821
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
Brust-Hyperplasie	0.0160		
Prostata-Hyperplasie	0.0297		
Samenblase	0.0000		
Sinnesorgane	0.0353		
Weisse_Blutkoerperchen	0.0095		
Zervix	0.0106		

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0696
Gastrointenstinal	0.0167
Gehirn	0.0626
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0285
Lunge	0.0072
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0303
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0126

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0000

5

Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0155
Uterus_n	0.0000

10

2.1.3

15 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

20 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
30	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
35	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
40	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
45	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0445		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0213		
55			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136		
10	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.1418		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
15	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
20	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
			%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T
30	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
35	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
40	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
45	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
50	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
55	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
60	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
65	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			

5 Herz-Blutgefaesse 0.0142
 Lunge 0.0145
 Nebenniere 0.0254
 Niere 0.0000
 Placenta 0.0061
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

10 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit
 Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.0000
15 Endokrines_Gewebe 0.0245
 Foetal 0.0070
 Gastrointestinal 0.0122
 Haematopoetisch 0.0057
 Haut-Muskel 0.0032
20 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0164
 Nerven 0.0141
 Prostata 0.0205
 Sinnesorgane 0.0000
25 Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	Brust 0.0064	0.0019	3.4026 0.2939
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0064	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0572	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0013	0.0379	0.0353 28.3379
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0142		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0093		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0060		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0208		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
	Brust 0.0141	0.0075	1.8715 0.5343
	Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0120	0.0390	0.3070 3.2573
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0376	0.7698 1.2990
	Gastrointestinal 0.0211	0.0324	0.6508 1.5365
	Gehirn 0.0126	0.0144	0.8742 1.1439
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0218	0.0204	1.0669 0.9373
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0137	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0106	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0408	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0217		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0557		
	Gastrointenstinal 0.0167		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0213		
	Lunge 0.0181		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0185		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0251		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0476		
	Eierstock_n 0.3190		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0151		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0309		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0310		
	Uterus_n 0.0458		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0113	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0031	0.0331	0.0927 10.7893
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0030	0.0010	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0123	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0120		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0064	0.0038	1.7013 0.5878
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0125	0.5434 1.8403
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0042	0.0137	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0111		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.00000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0201	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0081	0.0072	1.1314 0.8839
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1583	0.0427 23.4317
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0100
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0125		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018 0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221 0.3674
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485 0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615 1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133 8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957 0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945 0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0083		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0247		
	Placenta	0.0182		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0259		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0040		
65	Prostata	0.0205		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0120	0.7139 1.4008
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0064	1.3648 0.7327
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0179	0.6538 1.5296
	Brust 0.0307	0.0226	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0215	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0338	0.2657 3.7640
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0074	0.0133	0.5538 1.8057
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0148	0.0137	1.0794 0.9265
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0353	0.0164	2.1591 0.4631
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0077	5.0421 0.1983
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0120	1.2850 0.7782
20	Niere 0.0163	0.0274	0.5948 1.6813
	Pankreas 0.0198	0.0166	1.1966 0.8357
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0196	0.0064	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0384		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0182		
	Zervix 0.0426		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0249		
	Lunge 0.0181		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0499		
50	Sinnesorgane 0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0136		
	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0041		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0110		
65	Prostata 0.0274		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0458		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0125	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0044	0.0021	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0251		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0128		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0259		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0100		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0029		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung	0.0000	
		Gastrointenstinal	0.0000	
		Gehirn	0.0000	
40		Haematopoetisch	0.0000	
		Haut	0.0000	
		Hepatisch	0.0000	
		Herz-Blutgefaesse	0.0000	
		Lunge	0.0000	
45		Nebenniere	0.0000	
		Niere	0.0000	
		Placenta	0.0000	
		Prostata	0.0000	
50		Sinnesorgane	0.0000	
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
			Brust	0.0000
55			Eierstock_n	0.0000
			Eierstock_t	0.0000
			Endokrines_Gewebe	0.0000
			Foetal	0.0000
60			Gastrointestinal	0.0000
			Haematopoetisch	0.0000
			Haut-Muskel	0.0000
			Hoden	0.0000
			Lunge	0.0000
			Nerven	0.0000
65			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
			Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0031	0.0331	0.0927 10.7893
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0096	0.0093	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0059	0.0021	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000 undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0042	0.0061	0.6774 1.4763
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0077	2.5424 0.3933
	Brust 0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0226	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0081	0.0092	0.8800 1.1364
	Haematopoetisch 0.0067	0.0379	0.1764 5.6676
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5711 1.7510
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0064	2.3885 0.4187
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0136	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0157		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0099		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0171		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0060		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0387		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
	Brust 0.0141	0.0263	0.5347 1.8702
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0312	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0150	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0222	0.0113	1.9635 0.5093
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0135	0.0123	1.1007 0.9085
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6282 1.5918
	Niere 0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0083	0.0221	0.3739 2.6743
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0111		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0107		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0058		
60	Gastrointestinal 0.0488		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0060		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0204	1.1441 0.8741
	Brust 0.0192	0.0470	0.4083 2.4491
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0546	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe 0.0204	0.0075	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal 0.0268	0.0416	0.6443 1.5522
	Gehirn 0.0037	0.0154	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0476	0.0259	1.8382 0.5440
	Herz 0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0166	0.0184	0.9032 1.1072
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0460	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0300	0.2284 4.3775
	Niere 0.0543	0.0411	1.3217 0.7566
	Pankreas 0.0363	0.0110	3.2906 0.3039
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246 4.4517
	Prostata 0.0218	0.0128	1.7060 0.5862
25	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0535		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706 14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706 5.8615
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0041		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0090	0.0038	2.3818 0.4198
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887 0.8413
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0031	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0217		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0136		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0076		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0030		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0026	3.0509 0.3278
	Brust 0.0038	0.0113	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0702	0.0426 23.4526
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0556	0.0278	2.0018 0.4995
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0062	0.0082	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0255	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0357		
	Samenblase 0.0890		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0152	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0017	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0123	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0075	0.5104 1.9593
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0012		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0663	0.0741	0.8942 1.1183
	Brust 0.0640	0.0846	0.7561 1.3225
	Duenndarm 0.1104	0.0165	6.6733 0.1499
	Eierstock 0.0958	0.1951	0.4912 2.0358
10	Endokrines_Gewebe 0.0511	0.0426	1.1987 0.8343
	Gastrointestinal 0.1188	0.1527	0.7781 1.2851
	Gehirn 0.0584	0.0863	0.6771 1.4769
	Haematopoetisch 0.1016	0.1136	0.8940 1.1186
	Haut 0.0698	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0776	0.0613 16.3199
	Herz 0.1304	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.0819	0.2811 3.5571
	Lunge 0.1620	0.1227	1.3209 0.7571
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.1073	0.5402 1.8511
20	Muskel-Skelett 0.1045	0.0480	2.1773 0.4593
	Niere 0.0516	0.0959	0.5381 1.8583
	Pankreas 0.0529	0.1491	0.3545 2.8205
	Penis 0.0749	0.0800	0.9360 1.0684
	Prostata 0.0632	0.0426	1.4843 0.6737
25	Uterus_Endometrium 0.0676	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.1067	0.2309	0.4621 2.1640
	Uterus_allgemein 0.1528	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0480		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
30	Samenblase 0.0534		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1309		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointestinal 0.0333		
	Gehirn 0.0626		
40	Haematopoetisch 0.0590		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0391		
	Lunge 0.0650		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0432		
	Placenta 0.0424		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0126		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0052		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0097		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0573		
	Nerven 0.0181		
65	Prostata 0.0342		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0333		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0598	0.0501 19.9782
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0015	0.0062	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0051		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0139	0.0000 undef
	Gehirn 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0023	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0234	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.3189	0.0153	20.7988 0.0481
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0286	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0072	0.4114 2.4307
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	_Foetal 0.0070	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0020	
65	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0291	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0025	4.0755 0.2454
	Gastrointestinal 0.0115	0.0093	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0044	0.0062	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0111
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_aligemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0122	
60	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0037	0.0010	3.5998 0.2778
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0023	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0010	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0042	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0260	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
55	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
60	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000 undef
	Brust 0.0090	0.0056	1.5879 0.6298
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535 6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0019	0.0231	0.0828 12.0723
	Gehirn 0.0000	0.0031	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0102	0.2032 4.9209
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0108
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0491
	Nerven 0.0010
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0090	0.0263	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0050	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal 0.0172	0.0046	3.7275 0.2683
	Gehirn 0.0081	0.0216	0.3771 2.6517
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0117	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0020	4.0643 0.2460
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0021	6.1418 0.1628
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblaese 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882 0.4370
	Brust 0.0090	0.0019	4.7637 0.2099
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701 0.7873
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0180	0.0952 10.5060
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957 0.6686
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0026	6.1018 0.1639
	Brust 0.0179	0.0169	1.0586 0.9446
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0286	0.2093 4.7774
10	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0251	1.2906 0.7749
	Gastrointestinal 0.0287	0.0278	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0229	0.0164	1.3949 0.7169
	Haematopoetisch 0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0350	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0239	0.0225	1.0623 0.9414
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
20	Niere 0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0262	0.0085	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0208		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0108
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0122
60	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0221
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0275	0.1542 6.4853
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0205		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0179	0.4358 2.2944
	Brust 0.0064	0.0094	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch 0.0080	0.0379	0.2117 4.7230
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge 0.0073	0.0102	0.7112 1.4060
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0087
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0100
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143 1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411 0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere	0.1014		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0052		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0456		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0040		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duenndarm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0153	1.5254 0.6555
	Brust 0.0115	0.0113	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock 0.0090	0.0286	0.3140 3.1849
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0125	0.8151 1.2268
	Gastrointestinal 0.0230	0.0278	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0148	0.0144	1.0285 0.9723
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0106	0.0275	0.3855 2.5941
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0125	0.0123	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0137	0.0120	1.1422 0.8755
	Niere 0.0136	0.0274	0.4956 2.0176
	Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0192	0.5687 1.7585
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0520
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0181
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0371
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0221	0.0748 13.3713
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0082	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0060	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0083	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
	Brust 0.0141	0.0150	0.9357 1.0687
	Duenndarm 0.0061	0.0496	0.1236 8.0920
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289 3.0402
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0050	1.6981 0.5889
	Gastrointestinal 0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn 0.0140	0.0185	0.7600 1.3159
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0294	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz 0.0138	0.0412	0.3341 2.9932
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0156	0.0164	0.9526 1.0498
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0307	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0331	0.0499 20.0570
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0174	0.0234	0.7445 1.3433
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0136	1.6834 0.5940
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0222		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0303		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0126		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0304		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
60	Gastrointestinal 0.0488		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0090		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
	Brust 0.0077	0.0132	0.5833 1.7144
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0072	0.3086 3.2409
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0468	0.0000 undef
	Lunge 0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
20	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0182		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0063		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0178		
	Lunge 0.0108		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0152		
	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0012		
	Gastrointestinal 0.0000		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0060		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0128	0.0150	0.8507 1.1756
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0226	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0074	0.0103	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0085	0.0275	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0102	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
	Niere 0.0217	0.0068	3.1722 0.3152
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0272	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0145
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0076
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0120
65	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0585	0.0332	1.7601 0.5681
	Brust 0.0230	0.0132	1.7499 0.5715
	Duenndarm 0.0153	0.0827	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0150	0.0546	0.2741 3.6482
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0150	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0192	0.0416	0.4602 2.1730
	Gehirn 0.0163	0.0277	0.5866 1.7046
	Haematopoetisch 0.0374	0.0379	0.9881 1.0121
15	Haut 0.0404	0.0847	0.4765 2.0985
	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0297	0.0412	0.7196 1.3897
	Hoden 0.0863	0.1169	0.7380 1.3551
20	Lunge 0.0364	0.0266	1.3678 0.7311
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0767	0.3782 2.6444
	Muskel-Skelett 0.0411	0.0360	1.1422 0.8755
	Niere 0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
25	Pankreas 0.0132	0.0497	0.2659 3.7607
	Penis 0.0359	0.0800	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0262	0.0128	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0528	0.6402 1.5621
30	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
35	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0251		
	Zervix 0.0106		
40	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0528		
	Gehirn 0.1189		
45	Haematopoetisch 0.0275		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0520		
	Herz-Blutgefaesse 0.0818		
50	Lunge 0.0253		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0371		
	Placenta 0.0424		
55	Prostata 0.0499		
	Sinnesorgane 0.0251		
	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
60	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0093		
	Gastrointestinal 0.0366		
65	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0389		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0491		
70	Nerven 0.0120		
	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0077		
	Uterus_n 0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535 6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0251	0.4075 2.4537
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0140	0.0082	1.7099 0.5848
	Haematopoetisch 0.0053	0.1515	0.0353 28.3379
	Haut 0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0104	0.0184	0.5645 1.7715
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0180	0.2856 3.5020
	Niere 0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0213		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0835		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0375		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0213		
	Lunge 0.0108		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0162		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0241		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0150	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0675	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0153	0.0139	1.1045 0.9054
	Gehirn 0.0022	0.0154	0.1440 6.9448
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0323	0.0000 undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 6.3239	0.7179	8.8087 0.1135
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.2721
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0354
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
60	Gastrointestinal 0.2685
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
	Duenndarm	0.0245	0.0165	1.4830 0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727 5.7908
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733 2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0381	0.0970	0.3922 2.5500
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397 1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350 1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0163	0.0616	0.2643 3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795 0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.2863	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043		
	Zervix	0.0319		
35			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0222		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0242		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0122		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel	0.0162		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0010		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512 6.6125
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106 3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0188		
40	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0126		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0272		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0169		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0171		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0328		
	Nerven	0.0080		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0342		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166 1.2245
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019 0.2325
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059 9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209 0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861 0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795 0.7815
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130		
	Zervix	0.0106		
35			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0182		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0126		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0041		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0070		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.1053	0.0895	1.1768 0.8498
	Brust 0.0652	0.0846	0.7713 1.2966
	Duenndarm 0.1073	0.0992	1.0813 0.9248
	Eierstock 0.0629	0.1353	0.4649 2.1509
10	Endokrines_Gewebe 0.0579	0.0451	1.2830 0.7794
	Gastrointestinal 0.1379	0.2220	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0702	0.0534	1.3153 0.7603
	Haematopoetisch 0.1056	0.1136	0.9293 1.0761
	Haut 0.0587	0.0847	0.6931 1.4427
15	Hepatisch 0.0285	0.1035	0.2757 3.6266
	Herz 0.1293	0.0412	3.1353 0.3189
	Hoden 0.0403	0.1754	0.2296 4.3556
	Lunge 0.0914	0.1063	0.8598 1.1631
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.1840	0.2101 4.7599
20	Muskel-Skelett 0.0548	0.1260	0.4351 2.2982
	Niere 0.0814	0.1438	0.5665 1.7654
	Pankreas 0.0363	0.1878	0.1936 5.1662
	Penis 0.1138	0.0800	1.4227 0.7029
	Prostata 0.0697	0.0958	0.7279 1.3738
25	Uterus_Endometrium 0.1824	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0838	0.0951	0.8818 1.1341
	Uterus_allgemein 0.1171	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0671		
	Prostata-Hyperplasie 0.0922		
	Samenblase 0.0712		
30	Sinnesorgane 0.0706		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1448		
	Zervix 0.1810		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.1083
	Gehirn 0.0500
40	Haematopoetisch 0.0944
	Haut 0.2513
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0712
	Lunge 0.1409
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.1297
	Placenta 0.0545
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0251
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0163
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0292
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
65	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duenndarm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
15	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
25	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointenstinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefaesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
60	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0468	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0353	0.0164	2.1591 0.4631
20	Magen-Speiseroehre 0.1836	0.1227	1.4969 0.6681
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0050	0.0221	0.2244 4.4571
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0128	0.1706 5.8615
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.1246		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust 0.0026	0.0301	0.0851 11.7556
	Duenndarm 0.0000	0.0331	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0728	0.0411 24.3213
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0100	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn 0.0510	0.0596	0.8565 1.1675
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.1695	0.0217 46.1678
	Hepatisch 0.0523	0.1747	0.2996 3.3382
15	Herz 0.0138	0.0137	1.0023 0.9977
	Hoden 0.0000	0.0935	0.0000 undef
	Lunge 0.0073	0.0818	0.0889 11.2478
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0240	0.2760	0.0869 11.5066
20	Niere 0.3910	0.4108	0.9516 1.0508
	Pankreas 0.1123	0.0387	2.9060 0.3441
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2111	0.0320 31.2422
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1838		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointenstinal 0.0194
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.2302
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.1632
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0128
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0231
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0310
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170 0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664 2.7290
	Duenndarm	0.0123	0.0496	0.2472 4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657 3.7640
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038 1.6562
	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325 1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057 4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856 3.5020
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756 0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284 0.8141
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0250		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0178		
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0371		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0377		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0256		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0309		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0100		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.1084		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0332	0.8214 1.2174
	Brust 0.0230	0.0188	1.2250 0.8164
	Duenndarm 0.0276	0.0331	0.8342 1.1988
	Eierstock 0.0210	0.0650	0.3224 3.1022
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0276	0.8645 1.1567
	Gastrointestinal 0.0172	0.0463	0.3728 2.6827
	Gehirn 0.0118	0.0144	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch 0.0214	0.0379	0.5646 1.7711
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz 0.0540	0.0550	0.9830 1.0173
	Hoden 0.0173	0.0585	0.2952 3.3877
	Lunge 0.0322	0.0450	0.7159 1.3969
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
20	Muskel-Skelett 0.0240	0.0600	0.3998 2.5014
	Niere 0.0353	0.0548	0.6443 1.5520
	Pankreas 0.0165	0.0221	0.7479 1.3371
	Penis 0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata 0.0240	0.0405	0.5926 1.6874
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1055	0.2561 3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein 0.0051	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie 0.0224		
	Prostata-Hyperplasie 0.0297		
	Samenblase 0.0534		
30	Sinnesorgane 0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0234		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0253
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0432
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.1247
50	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0256
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0583
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0491
	Nerven 0.0221
65	Prostata 0.0821
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0416

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0000	0.0139	0.0000 undef
	Gehirn 0.0044	0.0041	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0060
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
		Brust 0.0141	0.0150	0.9357 1.0687
		Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0090	0.0416	0.2159 4.6326
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798 0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706 14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz	0.0191	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350 1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711 1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418 0.1628
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointestinal	0.0111		
	Gehirn	0.0250		
40	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0285		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
50	Sinnesorgane	0.0377		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0070		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0231		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0191		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0155		
	Uterus_n	0.0250		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0435	0.8076 1.2383
	Brust 0.0576	0.0489	1.1778 0.8490
	Duenndarm 0.0337	0.0165	2.0391 0.4904
	Eierstock 0.0659	0.1353	0.4871 2.0531
10	Endokrines_Gewebe 0.0801	0.0878	0.9121 1.0963
	Gastrointestinal 0.0441	0.1203	0.3664 2.7294
	Gehirn 0.1072	0.0298	3.5998 0.2778
	Haematopoetisch 0.0201	0.1515	0.1323 7.5568
	Haut 0.0661	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0428	0.0582	0.7353 1.3600
	Herz 0.0572	0.0687	0.8327 1.2010
	Hoden 0.0460	0.1988	0.2315 4.3193
	Lunge 0.0416	0.0634	0.6555 1.5255
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0613	0.4727 2.1155
	Muskel-Skelett 0.0360	0.0180	1.9989 0.5003
20	Niere 0.0489	0.0411	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.1371	0.0552	2.4829 0.4028
	Penis 0.0479	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0741	0.0426	1.7402 0.5747
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0475	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0639		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0623		
30	Sinnesorgane 0.0588		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0546		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0696
	Gastrointestinal 0.1971
	Gehirn 0.0500
40	Haematopoetisch 0.0551
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.1040
	Herz-Blutgefaesse 0.0427
	Lunge 0.1120
45	Nebenniere 0.1521
	Niere 0.0309
	Placenta 0.1212
	Prostata 0.0748
	Sinnesorgane 0.0628
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0304
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0262
60	Gastrointestinal 0.1220
	Haematopoetisch 0.0285
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.2211
	Nerven 0.0502
65	Prostata 0.0615
	Sinnesorgane 0.1471
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147 0.5510
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526 0.6441
	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733 2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479 0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882 2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765 0.2720
	Herz	0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637 1.1579
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700 0.3891
	Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977 1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208		
	Samenblase	0.0178		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0278		
	Gastrointestinal	0.0056		
	Gehirn	0.0438		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0427		
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0377		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0111		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0491		
	Nerven	0.0231		
65	Prostata	0.0342		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339 0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005 1.6654
	Duenndarm	0.0245	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038 1.6562
	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850 0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587 2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824 0.1700
	Herz	0.0159	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280 3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287 1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986 2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682 1.3018
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964 0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0327		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0557		
	Gastrointenstinal	0.0222		
	Gehirn	0.0250		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0249		
	Lunge	0.0181		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0242		
	Prostata	0.0249		
50	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0272		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0151		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0259		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
	Nerven	0.0341		
65	Prostata	0.0274		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehr	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS %Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0486	0.4014 2.4911
	Brust 0.0064	0.0338	0.1890 5.2900
	Duenndarm 0.0153	0.0165	0.9268 1.0789
	Eierstock 0.0030	0.0182	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664 1.0348
	Gehirn 0.0052	0.0123	0.4200 2.3811
	Haematopoetisch 0.0361	0.0379	0.9528 1.0496
	Haut 0.0184	0.0847	0.2166 4.6168
15	Hepatisch 0.0048	0.0388	0.1225 8.1599
	Herz 0.0074	0.0962	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0665	0.0573	1.1612 0.8612
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0383	0.5042 1.9833
20	Muskel-Skelett 0.0788	0.0300	2.6271 0.3807
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0116	0.0166	0.6980 1.4326
	Penis 0.0000	0.0800	0.0000 undef
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1682		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0111		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0364		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0557		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832 0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567 0.6036
	Gehirn	0.0052	0.0021	2.5199 0.3968
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0844	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0201	0.0275	0.7324 1.3653
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089 3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121		
	Zervix	0.0852		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268 4.4083
	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567 6.3796
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806 1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0111		
	Gehirn	0.0125		
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0181		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0064		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0231		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0060		
65	Prostata	0.0137		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
	Brust 0.0051	0.0094	0.5444 1.8368
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0150	0.7925 1.2619
	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0081	0.0082	0.9899 1.0102
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0127	0.0412	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0073	0.0307	0.2371 4.2179
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0383	0.7563 1.3222
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0033	0.0166	0.1994 5.0142
	Penis 0.0150	0.0533	0.2808 3.5614
	Prostata 0.0000	0.0106	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0040
65	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0145	0.0061	2.3708 0.4218
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0139		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0040
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	> Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
65	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0115	0.0132	0.8750 1.1429
	Duenndarm 0.0337	0.0496	0.6797 1.4713
	Eierstock 0.0030	0.0390	0.0768 13.0292
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0251	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0747	0.0879	0.8501 1.1763
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge 0.0042	0.0143	0.2903 3.4446
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0077	6.3027 0.1587
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0163	0.0137	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0231	0.0166	1.3960 0.7163
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0083		
	Gehirn 0.0188		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0108		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
60	Gastrointestinal 0.0244		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ, ID, NO: 95

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duenndarm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
10	Endokrines_Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
20	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
25	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35			FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointenstinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefaesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.1381			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0753			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust 0.0077	0.0075	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0061	0.0331	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0030	0.0390	0.0768 13.0292
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0044	0.0154	0.2880 3.4724
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0970	0.0980 10.1999
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0789	0.0532	1.4850 0.6734
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
25	Prostata 0.0153	0.0021	7.1654 0.1396
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
30	Samenblase 0.0445		
	Sinnesorgane 0.1411		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.1917		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0735
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0090	0.0056	1.5879 0.6298
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0424
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0134
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0100
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0179	1.7434 0.5736
	Brust 0.0205	0.0244	0.8376 1.1939
	Duenndarm 0.0675	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0442	0.1354 7.3832
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0862	0.0463	1.8638 0.5365
	Gehirn 0.0067	0.0133	0.4984 2.0063
	Haematopoetisch 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0477	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0212	0.0412	0.5140 1.9456
	Hoden 0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0374	0.0450	0.8313 1.2029
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0600	0.2284 4.3775
	Niere 0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0066	0.0442	0.1496 6.6857
	Penis 0.0449	0.0267	1.6847 0.5936
	Prostata 0.0240	0.0234	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0136	1.6834 0.5940
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0384		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0534		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0303		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0278		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0213		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0304		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0064		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0227		
	Hoden 0.0309		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust 0.0000	0.0188	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0245	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0442	0.2709 3.6916
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0134	0.0185	0.7248 1.3797
	Gehirn 0.0007	0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch 0.0321	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0478	0.0450	1.0623 0.9414
	Magen-Speiseroehre 0.0676	0.0690	0.9804 1.0200
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0116	0.0055	2.0940 0.4775
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1101		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0139		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
	Gastrointestinal 0.0366		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0588	0.3979 2.5129
	Brust 0.0179	0.0507	0.3529 2.8339
	Duenndarm 0.0245	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0546	0.3289 3.0402
10	Endokrines_Gewebe 0.0324	0.0251	1.2906 0.7749
	Gastrointestinal 0.0364	0.0786	0.4629 2.1603
	Gehirn 0.0067	0.0216	0.3086 3.2409
	Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0323	0.1471 6.7999
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0270	0.0225	1.2008 0.8328
20	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0383	0.7563 1.3222
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0326	0.0616	0.5287 1.8915
	Pankreas 0.0132	0.0607	0.2176 4.5964
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0458	0.0617	0.7412 1.3491
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0356		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0125
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0325
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0169
60	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0100
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0351	0.0256	1.3729 0.7284
	Brust 0.0077	0.0094	0.8166 1.2245
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0211	0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0125	0.0204	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0307	0.9454 1.0578
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0244	0.0068	3.5687 0.2802
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0170	0.6398 1.5631
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0242		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0272		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0122		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0410		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0137		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0230	1.3559 0.7375
	Brust 0.0435	0.0320	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0429	0.0165	2.5952 0.3853
	Eierstock 0.0210	0.0676	0.3100 3.2263
10	Endokrines_Gewebe 0.0341	0.0752	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal 0.0230	0.0185	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0525	0.0554	0.9466 1.0564
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0330	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0259	0.5515 1.8133
	Herz 0.0329	0.0962	0.3414 2.9288
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0166	0.0327	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0307	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett 0.0343	0.0240	1.4278 0.7004
	Niere 0.0624	0.0822	0.7600 1.3158
	Pankreas 0.0182	0.0055	3.2906 0.3039
	Penis 0.0419	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0174	0.0405	0.4310 2.3202
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0136	2.8057 0.3564
	Uterus_allgemein 0.0662	0.0954	0.6939 1.4412
	Brust-Hyperplasie 0.0608		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0623		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0500
	Gehirn 0.0876
40	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0434
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0556
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.1130

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0047
60	Gastrointestinal 0.0488
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0410
	Nerven 0.0402
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0375

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0639	0.3051 3.2777
	Brust 0.0333	0.0470	0.7077 1.4129
	Duenndarm 0.0399	0.1819	0.2191 4.5647
	Eierstock 0.0150	0.0702	0.2132 4.6905
10	Endokrines_Gewebe 0.0238	0.0903	0.2642 3.7857
	Gastrointestinal 0.0900	0.1110	0.8111 1.2329
	Gehirn 0.0067	0.0267	0.2492 4.0126
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0587	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0323	0.4412 2.2666
	Herz 0.0011	0.0962	0.0110 90.7941
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0184	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.3527	0.1370 7.2985
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0360	0.0000 undef
20	Niere 0.0733	0.1575	0.4655 2.1483
	Pankreas 0.0694	0.0276	2.5128 0.3980
	Penis 0.0090	0.0533	0.1685 5.9357
	Prostata 0.0109	0.0255	0.4265 2.3446
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0272	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein 0.0000	0.4771	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0576		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.1068		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0319		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0111		
	Gehirn 0.0813		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0145		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0309		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0136		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0122		
60	Gastrointestinal 0.4149		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0573		
	Nerven 0.0040		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0204	0.3814 2.6222
	Brust 0.0102	0.0132	0.7777 1.2858
	Duenndarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
	Gastrointestinal 0.0307	0.0093	3.3134 0.3018
	Gehirn 0.0111	0.0144	0.7714 1.2964
	Haematopoetisch 0.0094	0.0379	0.2470 4.0483
	Haut 0.0441	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0170	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0229	0.0245	0.9314 1.0737
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
	Niere 0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium 0.0405	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0191		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0188
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0072
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0185
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0041	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0131	
65	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0125	0.2717 3.6805
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0093	0.0123	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata 0.0392	0.0213	1.8425 0.5427
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0104		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0072		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0247		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0105		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0285		
	Haut-Muskel 0.0324		
	Hoden 0.0077		
	Lunge 0.0246		
	Nerven 0.0020		
65	Prostata 0.0410		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0167		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
	Brust 0.0166	0.0282	0.5898 1.6955
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535 6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0392	0.0527	0.7439 1.3442
	Gastrointestinal 0.0153	0.0370	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0059	0.0072	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0064	0.0687	0.0925 10.8088
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0239	0.0470	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
	Niere 0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0182	0.0110	1.6453 0.6078
	Penis 0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0305	0.0106	2.8662 0.3489
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.1055	0.1920 5.2070
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0446		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147		
	Zervix 0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0222		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0197		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0178		
	Lunge 0.0145		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0185		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0126		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0068		
55	Eierstock_n 0.1595		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0408		
	Gastrointestinal 0.0366		
60	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0259		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0410		
	Nerven 0.0151		
65	Prostata 0.0342		
	Sinnesorgane 0.0155		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0460	0.2542 3.9333
	Brust 0.0192	0.0376	0.5104 1.9593
	Duenndarm 0.0000	0.0496	0.0000 undef
	Eierstock 0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0102	0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0271	0.0137	1.9826 0.5044
	Pankreas 0.0132	0.0221	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata 0.0240	0.0298	0.8043 1.2434
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0352		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0089		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0408
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0608
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0051	0.0207	0.2475 4.0410
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0338	0.0886 11.2920
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0185	0.2071 4.8289
	Gehirn 0.0022	0.0092	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0275	0.1927 5.1882
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0109	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0251
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0354
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0375

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0409	0.2860 3.4963
	Brust 0.0256	0.0376	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0399	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0390	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe 0.0477	0.0702	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0479	0.0231	2.0708 0.4829
	Gehirn 0.0229	0.0349	0.6564 1.5234
	Haematopoetisch 0.0281	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0624	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz 0.0519	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0230	0.0468	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0270	0.0491	0.5504 1.8170
	Magen-Speiseroehre 0.0387	0.0230	1.6807 0.5950
	Muskel-Skelett 0.0377	0.0840	0.4487 2.2286
20	Niere 0.0462	0.0411	1.1235 0.8901
	Pankreas 0.0116	0.0276	0.4188 2.3877
	Penis 0.0150	0.0533	0.2808 3.5614
	Prostata 0.0283	0.0490	0.5786 1.7284
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0528	1.0243 0.9763
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0272	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0386		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0312		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0611
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0320
	Lunge 0.0397
45	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0247
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.1247
50	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0029
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0050
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0702	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0192	0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8404 1.1900
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
50	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
65	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0025	4.0755 0.2454
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0030	0.0031	0.9599 1.0417
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0073	0.0123	0.5927 1.6872
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		undef undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0056		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0032		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0082		
65	Nerven 0.0060		
	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0008		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0517	0.0879	0.5886 1.6991
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0381	0.0518	0.7353 1.3600
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0164	0.0635 15.7470
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0260		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0249		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0101		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
65	Prostata 0.0068		
	Sinnesorgane 0.0155		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0117	0.0153	0.7627 1.3111
	Brust 0.0026	0.0132	0.1944 5.1431
	Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0030	0.0062	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.1760	0.0518	3.4008 0.2941
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0010	0.0082	0.1270 7.8735
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0060	3.1411 0.3184
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0174	0.0277	0.6299 1.5875
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0203		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0035		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0010		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.1053	0.1125	0.9361 1.0683
	Brust 0.1164	0.1015	1.1468 0.8720
	Duenndarm 0.0491	0.0662	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0479	0.1015	0.4723 2.1173
10	Endokrines_Gewebe 0.0562	0.0251	2.2415 0.4461
	Gastrointestinal 0.1015	0.1758	0.5777 1.7311
	Gehirn 0.0296	0.1273	0.2322 4.3058
	Haematopoetisch 0.0535	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.2166	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0809	0.1035	0.7813 1.2800
	Herz 0.4133	0.2612	1.5825 0.6319
	Hoden 0.0748	0.0468	1.5989 0.6254
	Lunge 0.1506	0.1227	1.2278 0.8145
	Magen-Speiseroehre 0.2126	0.1073	1.9808 0.5048
20	Muskel-Skelett 0.0805	0.1680	0.4793 2.0863
	Niere 0.0543	0.0890	0.6100 1.6393
	Pankreas 0.0562	0.1712	0.3281 3.0479
	Penis 0.1497	0.2399	0.6240 1.6026
	Prostata 0.0850	0.0362	2.3483 0.4258
25	Uterus_Endometrium 0.0541	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0457	0.1019	0.4489 2.2276
	Uterus_allgemein 0.0560	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0991		
	Prostata-Hyperplasie 0.0832		
	Samenblase 0.0801		
30	Sinnesorgane 0.1059		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0720		
	Zervix 0.0639		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0835
	Gastrointenstinal 0.0361
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0433
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0961
	Lunge 0.0867
45	Nebenniere 0.0761
	Niere 0.0309
	Placenta 0.1151
	Prostata 0.5984
50	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0544
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0466
60	Gastrointestinal 0.0610
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0421
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.1474
	Nerven 0.0110
65	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0075	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
40	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
45	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
55	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0134		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0030		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0047	0.0000 undef
	Brust 0.0018	0.0014	1.2524 0.7985
	Dickdarm 0.0019	0.0000	undef 0.0000
10	Duenndarm 0.0027	0.0213	0.1288 7.7625
	Eierstock 0.0000	0.0167	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0012	0.0010	1.1605 0.8617
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	Lunge 0.0029	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0037	0.0000 undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0040		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
45	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Brust_t 0.0000
	Dickdarm_t 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
60	Hoden_n 0.0000
	Hoden_t 0.0000
	Lunge_n 0.0098
	Lunge_t 0.0000
	Nerven 0.0030
65	Niere_t 0.0000
	Ovar_Uterus 0.0000
	Prostata_n 0.0121
	Sinnesorgane 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0000	0.0000	undef undef
	Blase 0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
	Brust 0.0070	0.0014	5.0097 0.1996
	Dickdarm 0.0000	0.0057	0.0000 undef
10	Duenndarm 0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0119	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0032	0.0089	0.3621 2.7613
	Gehirn 0.0006	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0145	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0037	0.0000 undef
	Niere 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0025	0.0075	0.3381 2.9576
25	Uterus 0.0059	0.0138	0.4284 2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0080		
	Samenblase 0.0141		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
35	Gastrointestinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0061		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0245		
	Foetal 0.0070		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0065		
60	Hoden_n 0.0084		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0195		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0000		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000 undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243 4.4591
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527 2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605 0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000 undef
	Herz	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680 0.4223
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706 0.4607
25	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254 4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef 0.0000
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902 11.0896
	Haematopoetisch	0.0013		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0070		
	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
40	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
45	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0251		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0098		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0060		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0113		
	Prostata_n	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0009	0.0014	0.6262 1.5969
	Dickdarm 0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0191	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0006	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Prostata 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0015	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013		
	Penis 0.0000		
	Samenblase 0.0070		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
35	Gehirn 0.0188		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
45	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
50	Brust 0.0000		
	Brust_t 0.0000		
	Dickdarm_t 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
55	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
60	Hoden_n 0.0000		
	Hoden_t 0.0000		
	Lunge_n 0.0000		
	Lunge_t 0.0000		
	Nerven 0.0000		
65	Niere_t 0.0000		
	Ovar_Uterus 0.0023		
	Prostata_n 0.0061		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
10	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
15	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
20	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
25	Sinnesorgane	0.0118			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
30	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0142			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
35	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
40					
45					
50					
55					
60					
65					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0136	0.9198 1.0872
	Blase	0.0039	0.0188	0.2075 4.8204
	Brust	0.0114	0.0281	0.4070 2.4568
	Dickdarm	0.0211	0.0142	1.4801 0.6756
10	Duenndarm	0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0089	0.0286	0.3111 3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0151	1.0599 0.9435
	Gehirn	0.0211	0.0110	1.9234 0.5199
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0127	0.3662 2.7307
	Herz	0.0162	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0178	0.4523 2.2108
	Lunge	0.0136	0.0111	1.2278 0.8145
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0128	0.5666 1.7648
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0185	1.0206 0.9799
	Niere	0.0157	0.0145	1.0831 0.9232
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739 2.6743
	Prostata	0.0123	0.0039	3.1352 0.3190
	T_Lymphom	0.0000	0.0149	0.0000 undef
25	Uterus	0.0077	0.0230	0.3368 2.9694
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0094		
	Penis	0.0107		
	Samenblase	0.0070		
	Sinnesorgane	0.0235		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0111		
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
40	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0203
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0069
	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
60	Hoden_n	0.0167
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0060
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0158
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0150	0.0136	1.1037 0.9060
	Blase 0.0273	0.0211	1.2907 0.7748
	Brust 0.0229	0.0632	0.3618 2.7639
	Dickdarm 0.0268	0.0256	1.0466 0.9555
10	Duenndarm 0.0192	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0089	0.0501	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe 0.0193	0.0142	1.3580 0.7364
	Gehirn 0.0041	0.0160	0.2539 3.9391
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0465	0.0254	1.8311 0.5461
	Herz 0.0091	0.0412	0.2215 4.5144
	Hoden 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0204	0.0185	1.1050 0.9049
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0384	0.7557 1.3233
20	Muskel-Skelett 0.0069	0.0185	0.3711 2.6946
	Niere 0.0537	0.0289	1.8570 0.5385
	Pankreas 0.0380	0.0110	3.4403 0.2907
	Prostata 0.0330	0.0130	2.5323 0.3949
	T_Lymphom 0.0051	0.0075	0.6762 1.4788
	Uterus 0.0148	0.0138	1.0709 0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0147		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0083		
35	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0121		
	Prostata 0.0249		
45	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0204	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0017	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
60	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
	Nerven 0.0040	
65	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0090	
	Prostata_n 0.0121	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109 1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498 1.0528
	Duenndarm	0.0247	0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354 4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000 undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909 0.6707
	Magen-Speiseroehre	0.0362	0.0128	2.8338 0.3529
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895 1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0030	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0915		
	Sinnesorgane	0.0118		
30			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0278		
35	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0253	
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0023	
	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
60	Hoden_n	0.0084	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0293	
	Lunge_t	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0113	
	Prostata_n	0.0182	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131 8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268 0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0071	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155 0.7601
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0470	0.0048	9.7491 0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638 1.0375
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0080		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
35			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0068	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
60	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden_n	0.0000	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0000	
	Lunge_t	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0023	
	Prostata_n	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786 0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef undef
10	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013 0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000 undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0499		
45	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0035	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
60	Hoden_n	0.0042	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0000	
	Lunge_t	0.0000	
	Nerven	0.0010	
65	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0023	
	Prostata_n	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase 0.0117	0.0094	1.2446 0.8035
	Brust 0.0088	0.0253	0.3479 2.8744
	Dickdarm 0.0192	0.0028	6.7278 0.1486
10	Duenndarm 0.0192	0.0213	0.9018 1.1089
	Eierstock 0.0030	0.0143	0.2074 4.8219
	Endokrines_Gewebe 0.0193	0.0035	5.4321 0.1841
	Gehirn 0.0081	0.0249	0.3249 3.0774
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0093	0.0063	1.4649 0.6826
	Herz 0.0112	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0040	0.0118	0.3393 2.9475
	Lunge 0.0126	0.0037	3.4204 0.2924
	Magen-Speiseroehre 0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0037	3.2472 0.3080
	Niere 0.0157	0.0048	3.2497 0.3077
	Pankreas 0.0050	0.0110	0.4487 2.2285
	Prostata 0.0104	0.0052	1.9897 0.5026
	T_Lymphom 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0163	0.0092	1.7670 0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027		
	Penis 0.0054		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0139		
35	Gastrointestinal 0.0056		
	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0124		
	Placenta 0.0121		
45	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Brust_t 0.0000	
	Dickdarm_t 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0023	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0257	
	Haut-Muskel 0.0032	
60	Hoden_n 0.0000	
	Hoden_t 0.0000	
	Lunge_n 0.0000	
	Lunge_t 0.0000	
	Nerven 0.0010	
65	Niere_t 0.0000	
	Ovar_Uterus 0.0023	
	Prostata_n 0.0243	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0079	0.0014	5.6359 0.1774
	Dickdarm	0.0096	0.0057	1.6820 0.5945
10	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0191	0.1555 6.4291
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0018	3.6214 0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671 1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0091	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417 0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093 3.2335
	Niere	0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823 2.0732
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0044	0.0092	0.4819 2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0188		
	Samenblase	0.0141		
	Sinnesorgane	0.0118		
30			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107		
40			Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
45			Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000	
	Brust_t	0.0000	
	Dickdarm_t	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
60	Hoden_n	0.0000	
	Hoden_t	0.0000	
	Lunge_n	0.0000	
	Lunge_t	0.0000	
	Nerven	0.0020	
65	Niere_t	0.0000	
	Ovar_Uterus	0.0068	
	Prostata_n	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0077	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499 1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378 0.6503
10	Duenndarm	0.0082	0.0213	0.3865 2.5875
	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934 0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504 0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
	Herz	0.0426	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571 0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278 0.8144
	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555 0.5389
	Niere	0.0246	0.0145	1.7022 0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494 0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630 3.8026
25	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703 0.3891
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0188		
	Samenblase	0.0281		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0167		
	Gehirn	0.0188		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0356		
	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0182		
45	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
55	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0110
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden_n	0.0125
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0281
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0068
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0232
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0407	0.3066	3.2617
	Blase	0.0117	0.0164	0.7112	1.4061
	Brust	0.0123	0.0098	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057	0.0057	1.0092	0.9909
10	Duenndarm	0.0165	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0195	0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122	0.0070	1.7408	0.5745
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0071	0.0137	0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201	0.0059	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117	0.0148	0.7893	1.2669
20	Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0320	0.2267	4.4110
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066	0.0117	0.5627	1.7770
25	T_Lymphom	0.0126	0.0149	0.8453	1.1830
	Uterus	0.0059	0.0322	0.1836	5.4469
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062	0.0304	0.2029	4.9287
30	Haematopoetisch	0.0107			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0235			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0136	0.1840 5.4361
	Blase	0.0039	0.0117	0.3319 3.0130
	Brust	0.0246	0.0070	3.5068 0.2852
	Dickdarm	0.0287	0.0399	0.7208 1.3873
10	Duenndarm	0.0082	0.0426	0.1932 5.1750
	Eierstock	0.0148	0.0381	0.3889 2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0266	0.6036 1.6568
	Gehirn	0.0220	0.0130	1.6961 0.5896
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0381	0.0000 undef
	Herz	0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0214	0.0129	1.6538 0.6047
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0134	0.0193	0.6964 1.4360
	Pankreas	0.0264	0.0276	0.9573 1.0446
	Prostata	0.0075	0.0104	0.7235 1.3821
	T_Lymphom	0.0227	0.0373	0.6086 1.6431
25	Uterus	0.0059	0.0138	0.4284 2.3344
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082	0.0607	0.1353 7.3931
	Haematopoetisch	0.0053		
	Penis	0.0161		
	Samenblase	0.0141		
30	Sinnesorgane	0.0000		
			FOETUS	
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0278		
35	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0375		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0142		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
45	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0136
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0195
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0121
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0061
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149 2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364 2.9727
10	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383 7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089 0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803 1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000 undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508 2.8506
	Magen-Speiseroehr	0.0145	0.0128	1.1335 0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236 0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023 0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287 0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458 0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0028		
35	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
40	Lunge	0.0145		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
45	Sinnesorgane	0.0000		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0068
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
55	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0060
	Niere_t	0.0000
65	Ovar_Uterus	0.0090
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

15

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB),

25

(<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak, Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
- 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
- 15 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
- Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs			
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11 279/F/14
9	501/L/21			
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22
29	382/N/10	539/L/7		
31	530/D/11			
35	503/N/10			
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6	
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15	
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20 402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3	
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24

TABELLE I

Seq ID No.	Expression in Ovariumorgewebe überexprimiert	Funktion unbekannt	Module 1p31.1-p34.1	Cytogenetische Lokalisation SHGC-2542; 2540; 2456; D1S448- D1S500; WI-6555; D1S198-D1S462	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	2p22.3-p23.3	SGC32113; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390	
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)	
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)	
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52rIPK	1q22	SHGC-31641	
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	13q33.1 - q34	AFM310y/d5	
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507	
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	4q24	SHGC-36699	
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)	
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	PRO_RICH			
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	FHD			
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	5q23.3-q31.1	AFM200y/a9=D5S414	
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583	
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311	
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591	
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198	
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)	

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.3-3-q29	AFM308y1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene	NLS_BP	7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC- 35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607- D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR- A005U01; D11S913- D11S1314/RH;SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression in Ovariumgewebe überexprimiert	Funktion Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	Module WW_rsp5_WWP	Cytogenetische Lokalisation 2p13.1- p16.1; RH: 2p13.1-p13.3	nearest marker sISG31094; D2S292-D2S145
38	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein			
39	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsl1p	Sec1	17	
41	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC- 60-gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDa16f11; D8S549-D8S1733 bzw.S280
43	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21- p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466, D10S551- D10S532
49	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	sISG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu C. elegans cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC- 17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu B. taurus mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3- 15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. nonvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3- 15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3- monooxygenase/triptophan 5- monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Prolease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408- D16S3089; Cda01g10; D16S419- D16S415

Seq ID No.	Expression in Ovariumgewebe überexprimiert	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651	
69	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422	
70	Human tax-1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632	
72	Human prothymosin alpha				
73	Human profilin	profilin	17p13.3		
74	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271	
76	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544	
78	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3		
79	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredd	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; sISG1958; D2S162-D2S287	
80	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)	
81	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477; WI- 14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8	
82	Human mRNA for 90-kDa heat- shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305	
83	Human major nuclear matrix protein RBD; ZF_MATRIN		5q31.1	SHGC-3183	
84	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; WI- 8140; D2S143-D2S164	
85	Human interferon-induced 17- kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32		
86	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97	
88	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407	

Seq ID No.	Expression in Ovariumtumorgewebe überexprimiert	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	Human enhancer of rudimentary homolog	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	Human decay-accelerating factor mRNA	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	Human chromosome segregation gene homolog CAS	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	Ithyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	Human calmodulin	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	Human Bax alpha	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	Human antileukoprotease (ALP)	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7m_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTI;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	Homo sapiens CD24 signal transducer	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602;WI-2775;WI-7265)
108	in Ovariumgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal histone	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	myoglobin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Ichn protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI-30446
115	in Ovariumgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G	NLS_BP; GSHPx	18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI		14q24.1	
120	in Ovariumgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-111955; D9S1812-D9S283;; SGC3129; D9S153-D9S264
121	in Ovariumgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin annexin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumgewebe überexprimiert	Annexin II		15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;;WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No 2			
259	in Ovariumgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
	124	125	126	127	128	129
1						
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
 (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
 (C) STADT: Berlin
 (E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
 (G) TELEFON: (030)-8413 1673
 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovariumsgewebe

20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284

25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccgac tacacccgaa ggtacccaaa 60
 tatggtagg tccggtttc caactggca aacgtatgg gaagcccgaa gatggcttc 120
 ataaatttc cagcgattt tggcatttc tccagaaat acctcttgg aaaggcctgc 180
 5 ttgcaaataat gcatttccaa acttgaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagttaaag 240
 ctttcaacttc atttgtgtt ttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaacttg 300
 ttttaataat tggacatact ggtttaata cctgcttgc atattcacac atggtaact 360
 gggacatgtt aaactttgtt ttgtcaaatt ttatgctgt tgaaatacta actataatgt 420
 ttttaactta gtttaataat tttcattttt gggaaaaat ctttttcac ttctcatgat 480
 agctgttata tatatatgtt aaatctttaat atacagaataat atcagtaactt gaacaaattc 540
 10 aaagcacatt tggtttata acccttgctc cttgcatttgc tcatttagt caaattataa 600
 ctgatttaca tttcagcta tatttacttt ttaaatgctt gagttccca ttttaaaatc 660
 taaacttagac atcttaattt gtgaaagttt gttttttttt ctttttttccccc 720
 gtgtcaagtgtt aagtagttt ataggtatgg gtttttttccccc 780
 15 gaataagttt atttggccaa tgttaatataat ttaaactgtt ctgttttttccccc 840
 catgggtat gatttctgtt tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
 gccaccattt aacccttctc tgttctaaaaa caaaaaaaaa 960
 gaggggggggg agtattttaa tttttggaaat ttggaaacagc acgactatac atgaaatataa 1020
 20 ctagattgtt attatttggt tgtaagttga aacaaaaaac ctttactgtt tctaaatttc 1080
 ctctttccct ccatttagaaa attaggtaaa taatggatttcc 1200
 cttattaaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tcttaggatttcc 1260
 tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttttttt 1320
 acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtatgtt ccagttttaa 1380
 25 catcttcaat cttaaacatt tctatttgc tgattggttc tcacatatac ttctaaaaga 1440
 aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagatttta ttaatctcag ttacctacta 1500
 ttctgacatt ttaggaagga ggttaattttttt 1560
 ttggatctta tgatgtctgat catgttctgc actgggtctt atgtctaata taattttata 1620
 tttacacaca tacgtgtac ccagagatta atttttttttt 1680
 30 ttcatttgaga cagcaacata cgcaacttca aatcgtgtt ttagactttt tcaagtatct 1740
 aactcatttc caaacatgtt ccattttttttaaaaccttctt gattttcc 1800
 agaaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagttca tccatttgc 1860
 caacatagca atatctggta tggcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagtgg 1920
 tgcatttagtt gtatctgtat gatataaatttgccttcttgc 1980
 35 aaaactgtga acctaacttt ctcttattgg tggtaataa ctgaaaataa agattttttt 2040
 tcatgtctcac ttctttttttt aatcaaataatg gatcatgtt attgtcatgt 2100
 gtttccttgg ttctgacccgtt tggcacacc cctgtgtttt tataattttt aaattttttt 2160
 ttatatgggg tttttttttt tttttttttt 2220
 tatcttaatgtt actaatgtt taattttttt 2280
 40 ggacttcttgc ggattttatc taattttgttcaat ttcgtttaggc agatgcactt tttttttttt 2340
 tggaaagttttaa agcataaccga atgctactttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg 2400
 gggaaatccctt aacgggttaag ggtcccaagt atgg 2434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

gcctatatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgttgc tagaagtcca gaattttggal80
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaaggaa300
tagaagaccc ttggacctgg caggtaatg ctgattattc cttggcctt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtacttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctgg480
gaccaccta gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtgcca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggttggtt gaaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gttcattgg tgacttggat aaagacttt taattttaaa780
aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

attccaaaca tggcggtcc actaggggt atgtttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgccttcc aggcaagctcc aggccgtcct120
agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcat cttdcgagc ttgccttgca180
50 tctctggta gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaattcg aaccgggttt240
gatcagtgtt tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgtt tttcttacaa300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctatccaga agcacttgac aaagctgagg420
catggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480

cagggctcct tggcctacact ggagcaggca tctgccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagtggcct atgagtggc tgatgcgtga ggttgccac600
 acattccttc ctgtggacct gacatittgg aagaactt cacttatttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 ttagtttat gctcccatg aaaaattttc cacttattttt gtacttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtatTTTT ttgtcttta780
 gtacttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtatTTTT ttgtcttta780
 gcaaagtta gactgtaat atgatgacac agatttttt ttatggc 882
 tttaattttt gcatgactt taaaaaaaaaaaaaa aa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtgaa gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaaa cataaaagaaa ccaacaatacg caatgctcag aaccccagcg aagaagaggg 120
 35 tgaaggcggaa gatgaggaca ttttacctt aacccttggaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatggaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt cttaactcca gataacttcc aggactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg ttttgttcaaa aacacacgca gaggcagatg cttagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaaagttag agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtatgt gacatagcag gggaaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgtatga 540
 attcataaac ctaagagagg aatttatagg cttctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttccaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacatttgc tctctagtttgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcctc 720
 45 tagacttttta gagaatatac cccaaatctt ctacacactc tgctcttct gtgccttaaa 780
 tatgtggtttgc gcaaaatcg tacctgttat gggagttatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtttgt tctttttcc atcgatcacc acaactgctt tttagaacttgc acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaaagaaag gggtaaaagaa ctgaaggaaa tctgcatttc 960
 tcagtggacca ggcaggcatg atgcttttgc aatttttagt gaaactcctgc aagcacttgt1020
 50 tttatgtttta gatggataaa atagtgacac aaatatttgc tggataact atatagtgg1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagggtc agattttgat ttcatgttta ctattgttgc1140
 tcttaaaaat gtcctatctt ttacaagagc ctttggaaa aacctccagg ggcaaaacctc1200
 ttagtgcattt tttggggccg gtagcttgc tgcagttactg cattcactca acgaagttag1260
 tgaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaaccal1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggaa aattccgcag agctcaccag ggttaacttgg1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc1440
 acattattca ggaacttaaa gatataattct cagaacagca cctcaaaagct cttaaatgct1500

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaaagag aaagaaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
      acaacatgac cgggaagatt tcctaatttc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
      ataaaagctt gactqaaggt accaagggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
      cagcatggta gacatcagtg gtggtaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtcctcg ctgcctcccc caccagaaaag tccttgttcc300
      aqcccaacat cagtgcctct gagtttgtt actagaaaaca aaggaagaat ttccctgtaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgca gaggatgga ttctcccatt 420
ccataaccatc ttcccccac actggcccca gaaataactta attcaactat gtaaaataa 480
agattgttt tggttgagg gcataggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta 540
aattagctt gtatgttatt aatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
15 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

35 gcagggcctc gtgccgttg cataaatagg ttttotcaact cttcttttt tccttc 60
atccctcaact ccctccctta aaccctgctt cagcacaaatg gactaattct agcattctga 120
tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc ttttttaggaa aaatatccag 180
attattcatc cactttttt agtatctact aacaactcct tttttctt agagagttat 240
gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttgtt ttatcagcag 300
35 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
gcttgttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggt gaaagtcaact gaaacactca 420
aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
cccattggtg tgtgatgttag gaaatcctgt agttgttattt tcttgaactg aaatatttga 540
40 ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600
atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagctttaa aatgcattt cccttgcct 660
gtcttaact agatatacat gcttatattt atagtggtt tcacagacta taaaattgaa 720
tgtatgaaat ttttatttt atcagtgtt ttaataatga agatatttt ggagtaatgg 780
tgctgtcttg tagcgagtt ttaatcatag taagatttt ttcttcttcat ttgtttttt 840
45 tgtttcataat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaaggca tcaagcagtc 960
ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaaaa atgtgaagaal020
ttttatttcc tgaccatgca tccccctggat ttctgagttt cagttcagat ttagatgac1080
50 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatggal140
agaagccccgt agttccatga agtatggatt accatttgc tttttcacta acagtaaatg1200
tattttctt attaattgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttctttctta1260
ccataaacat ctgcattccct cagctcagcc ttccctgtat gttttttctt tataaatgg1320
tgagctgctg atgcaggtat tgccaaagcta acgtacaaa tcattttaaa gaggaagctg1380
55 ggcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattggta1500
gacaaatatt cactttattt atattttata tatttttt ttaattttgtt aaataactatc1560
cagttttgtt gttgtccttg ttgatttgc tgcattttaaa gtatttagtaa taattgccag1620

gaaaactatca ttagggaggg tttagtttgt tgctgttgg actgggaggg atgatttaaa1680
 tttagtgcata gaaaccattt ttagtgactg cacagtttat catttgcac acagaaggta1740
 gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
 atcaataaaaa ataaacattt tggtttctat atatcttaac atatcctccc cttaggagg1860
 5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
 cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tggtaagaa caaagaaaga1980
 ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
 aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc ctctcattt aaaaacctt2100
 attaaattgc aaactctgaa cttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
 10 tcatgttcaa gtgggtttt gttttgttt ttgtttttt aattgtaaa atctggaaag2220
 ttagcttgc ttaatagggg ctatgctctg caattccctt tttttttt tttttcctt2280
 ccactaagtca aatccttat cagatcattt tggtattcta aggagtgcg tattttcac2340
 ctgttggat tctatattag tggctctgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
 ggtctgataa ggctttact gaccccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
 15 ataatgctgg ttttgctgac tttttgttt tttatattt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
 gtgattgcatttggaaatc ccagggtatt actggaccta tgggtgtat tgttaaacca2580
 gtgtccttgt gatactgtg ctctgtatgt tcctgataca ggttggaaa cagttggta2640
 actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctt gttcattttt tttttatttc2700
 attgacaaaaa tcaaaccacg attccccattt gtttataaa atgatttgc tgaataaaagt2760
 20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaaa aaaaaaaaaa 2809

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

45 agttccggcac agagaaagta ttttaaccta cctgttagaga tcctcgcat ggaaaggtgc 60
 caaactgttt tgaatggaa gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgaggg120
 cttttgtatt gttctacttt ttcaagccctt tactttctgg ctgaagcattt cccttggagt180
 gccatgtata agttgggtta ttagagttca tggAACATAG aacaaccatg aatgagtggc240
 50 atgatccgtg cttatgtatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
 tagatcttgg tttgtgataa aaatataaaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaaggttt360
 gagggaaatca ggcataatgac ttatactta acatcagatc ttttctataaa tatttttacta420
 ctttggttt cctagctcca taccacacac ctaaacatgt attatgaattt acatattaca480
 aagtcataaa tggccatata ggtatatacg tacattcttag ttggatcg ttactctgct540
 55 agaattttagg tggagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tggatggcatt600
 aaattgggtt cttaaaatg cttgggtggc acttttgtaa acagattgtc tctagattgt660
 tacaacccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tggatctaa tcacattcta720

gacttgttag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca 780
tgtcttagct gtaaaaaatga gaaagtgtt gttggtttta aaatctggta actccatgat 840
gaaaagaaaat ttatTTATA cgtttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa 900
aaaaaaaaaa 910

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
10 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
15 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30 gcgacggcgg cttagaaagt gcttccttga ggcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
tggcttgagg aggaacctgt cttaaagct gtcctcttgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggtt catcatggcg 180
gatgacctaa agcgattttt gtataaaaag ttaccaagtgtt ttaaaggtt ccattttttt 240
gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
35 catgcttgc gacctggttt ctatccact ttgccttgc caacagacca aggaagcaaa 360
cttggacttt ccaaaaataaa aagtatcatc tggtactata acacctacca ggtggttcaa 420
tttaatcggt tacctttgtt ggtgagtttcc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
attgtcagcc tagaaaaagga acttgctcca ttgttgcgg aactgagaca agttgtggaa 540
gtttcttaat ctgacagttt tttcactgtgt taccttatct tcattataac aacacaatat 600
40 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tggctcaag aaaggcccc 660
tttttccaac ttataactaaa gagcttagcat atagatgtaa ttatagata gatcagtgc 720
tatattttctt ggtgttaggt ctgttttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
ttcagtctat cacagctccc atggagtttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
attcagtggaa tcagaatcaa actggatcat tggatccactt gagccgtttaa gtgctgccaa 900
45 ttgttacaata tgcccaggct tgccagaataa agccaaacttt ttattgtgaa taataataag 960
gacatattttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg 1020
cttggtaaaa gtaataaaaat cagtcataatc actaactttc ctttgcattt attatTTGCA 1080
agtatagatg aatattacta atcgtttga ttatttcgtt taggtgctgc tctttatgal1140
aaatgaaaat tatagtctat gtttttccctt caaactctgc ttctgttaac caatcagtgtl1200
50 tttaatgtttt gttgtgttctt cataaaatggaa aatacaattt cgtttattctg tttcaatgtl1260
tagtatgtat gtaaaacatga tagtacagcc attttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
agtatTTTA aaaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat tttttgttcc agacttttcl1380
caaaaaatcta aacataatatactt tcagccacat gaataaaataa tgagtgttcl1440
ttgtaaa 1447

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

25 agcgcggta agcgggggtg ggatctgaac atggcggcg tggtagctgc tacggcgctg 60
aaggcccggg gggcgagaaa tgcccgctc ctccggggga ttctcgcagg agccacagct120
aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agaggcaag180
gaggaacctg aaccctatac cccggagctg gaatacatcc ccagaaagag gggcaagaac240
cccattaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggcttcc ctttgtgtat ctcctcttc300
30 atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
atgcgttgtt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcaggccttc ctcccagagt420
gccccgtccc ctgatgttgg gtctgggtg cagacctgag gagcgtgcg accctcctag480
gctattgact gtttaagtctt caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
ccagagggcg catgaagccc aggctgttgcaaaaccctac cctgccccac accaaggagc600
35 ccaccaaagg caaataaaagt tattgagtgt ttagtagaaa gaaaaaaaaaaaaaaa660
aaaagtgcac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 803 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaaa gaaaattttg 60
aaaaaatcag agaaaatcag aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
10 gtttcgtcgaa cacgtggcag atgaaaatat tccagcaatg atgaaaagtga agggtctggc180
atgaaaaat catctgcgc ttcagaagag gaggaaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagat atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggcttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgca tagtgatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
15 atcatcccag atggagaatg ttctgcccc ctttgccaac ataaaactgct ctgtgaaaaa420
tttaggaac agttgcgaga tttggatgtt gccttaaaga agaaaagagcg tgccgaacga480
agaaaaagaac gcttgggtgtc tttgggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagacttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaatc caaagcaaac600
20 ttgcttggaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaatg gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
ggccgagggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg gaaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 828 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

agcacttcca ggctgggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcgccg gccaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgtggaa gatccgcggaa ggccgacagg attcgttggc120
50 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
ccaagtgcga gcagtacttag cccaaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacgttcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgcagag tacatgtggaa tgaaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctggaaag aggaagaaga gcatgaatgg ttattccat ctcgagatct cccacaaaact420
atggacccaaa tccaagacca gttaatgac ttgttatca gtatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgtcc tggggtaag540

5 tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggttga tgtacacaa ttccacact 600
gtgaaggcag tattagaaga cttaattgtt aaagctctt tgtaactgtg ttacacttat 660
gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcat gctaataaa agtgctgaga cacttggta 720
ctaagtaaaa agcctggccc aaaccattt actgggaaaa taggattggg gccccatggc 780
cttggatgtt ggaagaccgc caagggaaag gaaccaccag gccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

ttggtttccg gcgccaacca atgtggagc tgtaatagta agagcttc aaccaaagct 60
tggtattacc gtgtgggtt tcgtttttt cgtgggtttt tatttgattt tgattttttt 120
ttctttatg tgatctttgg gaaaacacat tcagaattat atctcgttt tacttaatg 180
tagtgcttag gtttaatttt ttgtactgaa gtctttattt gtgggtgcat gctactggg 240
35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcaactgtgc attactgaga ctctgtttat 300
caactgcctt ctgtccctcc cgcaagaagac tggggattt aacaaaataa tatgtat 360
gatttactta aagtgcctgt aaatttctt gggacctgcc acttttgact gtggatcagt 420
tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcaact gtggctgata actgcaaaaa 480
40 tgggaacccg acatttgctt tgggtccctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc 540
cttgcataat tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggattttt tattttttt attttttttt cttataggc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcg tttcttgg 120
15 gggttcattt ttttgaatca accacacttc attttttcta ttaagcaatt tgacaggact 180
gtttagcct gcagtgttgt aaacaccttc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat 240
gcttgcataat gtcaaaaagg tttcttgatt ctttgggca ctagaaaatc catcgaaaga 300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct 360
20 gggtgatca aattgctgtt cagaggaaat atacaggaaat atggtaatgg tagactcact 420
aaaaggacct gaaccaggct ccacgttagt tgcactggat gctgtcatct ttattttcat 480
ctcttctcg ttttgcctt gaatgttagt gttcagttt gtaaagcccg tctggatggc 540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggc catagtgtcg 600
gatctcataa cttccgggtt gggggccgc gtcctccggg gccttccagc ccggcgctc 660
25 cacagttgg gccgccccgtt cctccggccgc cccggggctt ggctggagcg gctcgccat 720
ggcgccgtg acgctctggg agcctggta gccgcgcaga ggcccccgcac cccggccgc 780
cccgctcg tgcgcgcgc cccggcgaggc cccgagttt ctcggcaga cccggccct 840
cctcccgcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgaggg 900
ggcgccgcca ccaaggccgg gccggctcac gacccggac agctccggcc ggagttgcgc 960
gtctggcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

ctgcaccccta gaaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
 ggaaaatctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tggtgtggg 120
 agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaact ctttagtgtct ggtgcagcta 180
 5 ttaaatgtgc aatgtgtcaa gttagttgtt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
 ccattgtata agctgtgtat ttacaatat aacacaacaa tttactttt ccttagaata 300
 caaaaagtca tgcataatggct ggggaactat atgctttcc attttaagt caggactgca 360
 atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
 10 ccataccgggc ctggcaatatacaatttt cagaaaggca ttgtgcacaa caggattatt ttcccttcca agtttgtaac actccccttc 480
 ttggagaat ctgtgtatgcc cttagaagaa gggctggaa ttgctgtct aatgtttcat tttatgcctt gaggactaat ttctggttt 540
 tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt tttaaatgtat tctgaatttg aattaacttt 600
 15 atgcttttatt aaggctcttg ttcacactgg aaaaaatctc ttaaggttcc tccttcacaa atgattgtt caacacttta ggcaacttga tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
 tggaaaaatc tgaccaatcc tgccacacttgc tataatgcata cacacccggt gtatttaata 20 atgctgttca atgcactgtt gaccttcata 780
 gtataatgcata cacacccggt gtatttaataa tttttttt gggggctcata tacaggggtg tgggcgatgc 840
 25 taacctaact tttatagagg ctatcttt ttgaatctgt tccgggtctgt ctgcctgtc cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga ctaaggtttt gattttgaat ttcaacatccat ttaagatacat 900
 cacaggatt ctttgtaga acacttttta aatggataacttgc tggcttgc ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 960
 30 gattttcca gtttttccaa ggagtaattt ctgatatttc acccagctgc tggcttgc ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1020
 cacatgttag tctggctggg ctggattttt aacgctcaca taactggttt ttttttata ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1080
 35 acttgatttg ctgggttttg aaaactccctt ttcaatgcctt gtttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1140
 attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaga ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1200
 tgcacgggct tgcataatgc tggagctgt ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1260
 accgtacctg tcaatgcctt ggattttcca taaatttgc ttttgcataaa aaggcatat aaggcacaag tttcacat 1320
 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:
 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
 45 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 50 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

gcgcgatata aacagttgga agagaaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtAACCA tttcttttat gtacatttga aaatGCCtt120
tggataacttgc gaaactgctaa atttattttat tttttACATA aggtcactta aatgaaaAGC180
gattaaaaga catcttcct gcattGCCat ctacataata tcagatatta cgatgttag240
attgcatttc agtgttaaat cttaactgtat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggtt gtgttatttgc gataatggca360
ctaggcagca ttgtataatg aactaatggc aaaaatttcat ggctagtgtat gtataaaaata420
aaatatttctt tgcagtaaaa tattccctt gttaatgtta tagaaggggg gataaaaaa480
10 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttattt ttagtatttc ctgttttgt540
ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgtat aagcctaattt atgctggact600
gttttgcattt gtttaaccc ttctgtatagg tagttgtggta tgctgggat gagaactgaa660
taatcttgc ctggagtgtac actacactt agaatttcca cttggagaa tactcagttc720
caacttgta ttccctgtat aacagactttt acttttcttag cccagcattt atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgcctt taaaagtgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttggaaagt agaattttatg ggtacaacgt atgttacat tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag tttaaaaaaga aaaaaaaaaag gggggaaaaaa aaaagagaaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggagggggag aagaga 986

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

50 gcgtctatat tacatttattt gacactggat atttatttac ttttatatac caggaaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgtat agatgaaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattattttgt tcacagttac tttaacttct ttcagcaatg cctgagtcc180
ctttatagaa acttcatttt gctaaagttag caaccattca ttttttgggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
55 caaacataat ctgaaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaaagcg360
tcatccaatg gattaaaacc cttcccttttggt gtggcagtgg aacggatgtac tacctaaaa420

gaaaaaaagag ttaatcacct ctcctggata tgaatgctat tagaagtttgc480
ctaaattgat aattgcctt ctagatctat aatgttagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttt gattgttgtc aaataataat 60
ttattttaaa aaaatctcaa aacatgttca aacacatca gtagcaaaga tccaccattt 120
30 gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttgggt gtacttaatt aagctttttt gaagtgc当地 gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcat gatatttttta taatttgtgg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgtc ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggttttgc 420
25 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgc当地 480
tcttgcattc tcagctgaag gatacttctc cagaaacctc caaagcacag gtattgccat 540
tttgctctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggctt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttgtt atatttgc当地 gaaaaataca ggcttgc当地 720
40 ccttctttct atctgtgtc gtggatggt atcttcagtg aagtcttcc tggttgggtga 780
gcagttgttgc tccatttcag agccacgtt taaaatgtca gtatgcaa at gttcttc当地 840
ttccacaact tctacttttgc ttccgatttgc ttcaaggatctt aaaaaggat cctcataactt 900
ctcggtgtgt tctgagtttgc tggctgaaca aaatttgc当地 atgatgccag aagtttttgc 960
ttcagaacaa aaatttgc当地 ctgaactcaa tgatcttct ttttttttcaaggctgtt 1020
45 ttcttcactg gtcacactgaa gggctctacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt 1080
tctatcaagc tgacttttttgc tggcaacagg ttcaacttca gcatctgctt tattacacac 1140
agattctctt ttgcttatcac tttgaacaaa acctgaacag ctcttc当地 atcctttttt 1200
agtttctta attgggattc cttcaaaaat agtcacccctt ctttggct ttctaacctt 1260
tctgaagtttgc acatcatcaa caccctcatc ttcttcaaaa agcaaatgag tggaaatgaa 1320
50 gtttagagatg cctctgtctt cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc 1380
cttttgcac ttgcttcggg ttctggatgtt ccagtttgc当地 ttgttactt ggttttgc当地 1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgc当地 tttatatctt gacttgatc cccttttaga 1500
aagtacagta aaatcaaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatctt tgtgaagata 1560
attagcaagt gaaacttttgc atctgaactt cagtcctgtt gggcttagaaa atgatattaa 1620
55 agggaaacttca ctgcttagtaa atagaagggaa cttttaaaaag aactggacca catttc当地 1680
ttctaattaa ttccaaatgc ttgc当地 tatctgtcat taaaaatgaa aaaagagtga 1740

taaatggcac ttttaaatgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 746 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gtttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gattttaa120
30 aatacttag tattcttaac tatgtatgtg ctttcttta cactgaggcc tttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaattt gctactggct360
ttgttaagata gtaagttagg aatttcacag tcattgtctcc aaatttcatg gcagagttta420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaca aacgcaaatg caatttgcgt tgactaattt480
ccttaggactt atttccttat gtaaaacccc tggatcttct ttcctgccac aagacagggt540
acaaagctt ctaaaacatg ctctcaggtg tcccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaagggt gtccacaaag caaaaaaaatc agaccaaattg ctaagagcaa gtaacttata660
40 cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
45 (A) LÄNGE: 659 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

15 agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tggccaggcc 60
ttggttggca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcaactt120
tggttgtgca ttgggaatga cattcttcc caccggcaggaa aacccttgg gacttcaga180
gacattgtgg cttagccaacc acatggtcag cctcaaaaggat gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaaagtatg ctatgttgatg tataatcttc atccaaagcc agagggaaacc360
acaatgacta gtaaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagttggcg tcaagctgata gagcgggaaag aagaatatg catttttat gaaaaaataaa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaaattccct gaaaatgaag attgtgaga agcaaagaca aatttgcgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccc acctagctgt gctccaaatt cagtttca 659

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

50 cgcaatgtgcg agccgtgggg ctcttcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctggc 60
tctgtggcag cggcgccgc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctccctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcatccctt gttttggac240
acagtcctt tactcagatc agctagttct acatatgaat ttcttatat gtctctaac300
aagtgtttaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggctt gttgattagg ctggcg 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25 cgaggcggcgc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgtgg gaagagttagg ttcagagtgc 60
atccggAAC ccggggcgCG ggcactgCG caggcgGCC gactCCGCTC agtttCCGGT120
gcggcgaaca ccaaAGTCCG ggaacttaAG cattttCGGT ttctagggtt gttacgaAGC180
tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccggag240
20 cggcgaggct ttagcggaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctgggca300
aatgggcttc ccaaACACTC ctactggTT gacCTCTGG ttttcatcct tttcgatgtg360
gtggtgtttc tctttgtgta tttttgcca tgacttggTC gctgatATCT aaattaAGAA420
gttggttctt gagtgaaATTc tgaaaATGGC tacAAactTC ttGAATAAAAG aagacaggac480
tctcaataga agaatttac atctccaagg gacccttcct ttcattttac actttgttac540
30 taatttgcag aactctatta attgggttagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
attaaACCTC ttgggtcgtg tttaaaaACT ttcaaACATC tgatggctt acaggggctg660
aatataAAAG catttgtact taaaggTCTT gtgtattcat taagaaATAT agtaatgtct720
tttaatgttt taagagtta tcagggtta ctatggatgg caagtaataAG ggatgattaa780
40 taaggGAAG gtttttatgg aatttcaAAA gtcaatttat ttcaAAAGCG ggggaaAGGG840
tttgagagg agggggcccc aagggttcc tgggttgc cgagggaggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

15 gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgcggc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggcgtt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgtatgaga 120
gccccgtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag 180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgttag catccacagc catacatctt ccctgactct 240
cctggggca ctccttatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat 300
gactggcattc ttcttgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg 360
20 aagaactgc ggagggaaag ctgggaacga gaggtaagc agctgcagga ggaaacgcca 420
cctgggtgtc tttaactga agcttgcgc cctgccccaa aggaaggtga tttgccccca 480
ctgtgtgtt atattgtac cagaccccg gagcggccca tgttagaaaga gagagacctc 540
atcttcatg ttgcagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcctta ataaaaaaatc 600
agtgaaatgg taaaaaaaaaa agtgcattt tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

50 ctcgagccga attcggctcg agcttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
acattaccca gcatcattgt ttataatcg aaactctggc cttctgtct ggtggactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggagggagga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
tttattataact tcttaacaat tctttttca gggactttc tagctgtatg actgttactt 300

aaactatcta aaatagagca ttttgttac tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
 catttaaaca ttacccagca tcattgtta taatcagaaa ctctggcct tctgtctgg 420
 ggcacttaga gtctttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
 5 tggggatagt cttcatgacc acaaataaat aaaggaaaaac taagctgcat tgtgggttt 540
 gaaaaggta ttatacttc taacaattct tttttcagg gactttcta gctgtatgac 600
 tgttacttga ctttcttga aaagcattcc caaaatgctc tatttttagat agattaacat 660
 taaccaacat aattttttt agatcgatc agcataaatt tctaagtca cctctagtc 720
 tggttcatct cttcacctg cattttattt ggtgttgc tgaagaaaagg aaagaggaaa 780
 10 gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttggat tcattggcaa ataatttcag 840
 tgtgggtat tattaaataag aaaaaaaaaa tttgttcc taggttgaag gtctaattga 900
 tacgttgcac ttatgtatgac catttatgca ctttcaaattt aatttgctt caaaataaat 960
 gaagagcage tgccttttta agtgttcagc tggcatgc tcagaggcc1020
 ctgctggatt ccagctggag cggtgtgata cccttcttt tcagctgttc gtgccttc1080
 ttcttgcatac caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
 15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat gtttggat cactgtaaat1200
 aaaaagaggg cttggaaatt cttgcattt catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

gtttctaaag gatgtgttaag aaaccagagg taaaggcttc gcgatatactt aagacatccg 60
 gcgttagtacg cttcagttag ccacacgcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
 45 gccgttgcgg aggagactag gaggggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggtcg180
 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaaggat gcttaggaag ttgaaaggcc240
 cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgc catgctgcta cgagaagaga300
 atggctgttgc agtcggcgat cagagcagct ccagtgtgg ggattcggac ggagagcgcg360
 50 aggactcggc ggctgagcgc gcccgcacgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
 gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgttt cctctgcact gaccgtgact480
 gcaatgtcat cctgggctcg ggcgcaggat tcctcaagcc gtcggattcc ttctctgcgg540
 gggagccccg tttgtgtggc ctggccatgg taccggaca ccacatcggtt tccattgggg600
 tgcagaggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcgc ttacccatca660
 gacttcattt aacttatgac cgaaaaaaaaaaaa 694

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

25 gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaaattt accttttattt gttgtactaa 60
agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
tcagtagctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcacac tctgcctgtt acttagaaaa 180
cagcccctac cccccagaggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagttttca 240
tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
acttgtctct ttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cctttttaaa aaacatcagt 360
30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
ctcgctagta aaatgaaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
cttacacaga gcccagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatacgctt aggaggaacc 540
acatcaaatc ttccagccaga catatctagc ctcagaatgt caaaaaaaaaaaa 600
aaacgaagac acccacactg agtaggggtc atgccgtgag tgctgtatc aagattaaaa 660
35 agacctcagt tttttttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttccctaa 720
aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
tgccaccctc taaaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcaactgtg aaggctgtca 840
cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
gacccactg cagccctgcc cacgcagtc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40 agcacagatg gaggagaaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaaggc cgagagacgaa 1020
gtttgtttaa atgccaaatgt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg 1080
ttctgtgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccctccag gagaggtgcc 1140
accaaggagc aggagggttg tcaaagctct ggtccacca acaagaacct cccaaagca 1200
45 agcagccccc attgagggttca caaggtcgat ttgtgtttaa cggaaacgaa accaacacca 1260
aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctggcact cggcaacatg gagccgttca 1320
agtaaacata aaccacaaaa tacttagaaa aggcttgcata acgagtgtatc cgaaagggttca 1380
tctttgcagc atctctgtatc agctggctaa agaaagggtgg gtgtgttgc cgtctttgtt 1440
gttatctgtt ttgtgtttaa gcacacgtgt gacacggcact gagtgtgtgg gcctggcc 1500
50 ggatgcacag cagccgtggc cctctgtctt caaaggaggt gttctgggt cctgggtccg 1560
gatccttccc ccgcattgttc atagacggac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag 1620
ctgagttctgg tggccctca ggcggccagc tgcaagtcatc cacagcacag cattctcc 1680
gagcggccag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat 1740
ctgagttgttca atgcttgcata gggcttccctt ctggatgacc cctgcaaaaag agcccccc 1800
55 acacgtcatt cagtcagag taagacccca gtttggagc aaggcgttac agcttgcact 1860
ctttctactg tggctgttc tgctttgtgc tccttggcact tctgctccat ccccacctg 1920
ctctccct 1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 672 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

25 gccttttat tttttttttt tggtcgttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
cagttaatga ttgactaact ctttgttgc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
agggctacag cgctgcttt atgctcacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
aggttagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcaccatca tggaaacac cttcccttt240
cttcaggatt ctctgttagt gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
20 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taagggtgcc aagaagtctca360
ctggacattt aagtgcacaa aaaggcatac tttcggaaatc gccaaatcta aactttctaa420
30 cttctgtctc tctcagagac aagtggagact caagagtcta ctgcttttagt ggcaactaca480
gaaaactggt gttacccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
35 tccgcaaaca ggatgtgctt tccttgcctt atttagggtt tcttctctt ccttctctt600
tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccccctcgat ccactggaat660
ctcagaggtt gc 672

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcatccta gcccggact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcg tctcctacaa tctggccagg 120
gatagcacag tcaaaccctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc 180
cagaccctct ccagaagttg gggtaacaa ctcatctgga ctcagacgta tgaagaagct 240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
20 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgaggcg ggatagctgt ccaaggctc cccagcact gaggagctcg cctgctgcc 60
tcttgcgcgc gggaaagcagc accaagtca cggccaaacgc ctggcacta gggtccagaa 120
tggctacaaac agtccctgtat ggttgcgcga atggcctgaa atccaagttac tacagacttt 180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacatgtcc tagaaacggt gcccacagcc ggggttgtga 240
cctcggtggc cttcatgtctc actctcccgta tcctcgctcg caaggtgcag gactccaaaca 300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgggttgccc atctttggcc 360
45 tcacccgc cttcatcatc ggactggacg ggagcacagg gcccacacgc ttcttcctct 420
ttgggatct cttttccatc tgctctctt gcctgctggc tcatgtgtc agtctgacca 480
agctcggtccg ggggaggaag cccctttccc ggttgggtat tctgggtctg gccgtggct 540
tcagcttagt ccaggatgtt atcgatattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca 600
aggt 604

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

cttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtgaaat tcaagacgct 60
ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctctttcc ttctggcat cctctcctct120
gttctaattcc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaatca180
tggtcaaaac tatttagtcc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
actctcatgc caaccactgc cctgaaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
tggccaagct cttatgcttg ctctgaaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctcctt360
tcaaagtgtc cctggccctt tgagaaaagca gtgtggtga gggagatggt tctggcagg420
30 gccgtgaatg gttgtttct acttgggatt tctttccctgc ttttaggagat ctattggaa480
actgattata accactcggg caccatcgat gcccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
gcaggtttca ccctcaacag ccaggtgcag cagaccatttgc ccctgcggta tgcgtgcagc600
aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gacccttcc660
aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcaagcttc tctggccgag720
35 tggctgtgct gcgtgttggc ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 304 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgca aggaactgtc gctcgactc gtgcgcctcg ctttgcttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtgcg 120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaaac 180
aggagaagca agcaggcgaa tcgttaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc 240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg 300
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
20 (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggtcatggggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
cgatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccggggccggg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgccccatg gcggtatgag tggtaaccatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttccctttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
45 caacgttagcc agctactgag gtctgacaga ccaataacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttgggg ccatttggtt tggtcattct gggctccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtcctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
ctttgtgcct aatttcccaac tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttccctgaaga actcctgccc tcccaactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
50 ccgcctcttt tgggaaccca tgaagatcca tgacatccgc tggaactttt agaagttcct 660
gggtggggcca gatggcatac cggttatgc ctggtaaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcacca gggggaaagta 780
actgatgccc ccacccctacc cctacccctt gcccacatcg caagggccga ggagggctc 840
ttcagaagg aagccacatt cccagtcatt ctaccccccac cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

tcccagtgtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatggc1020
 catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcataatttt ttcaagtttc tgttccaaat1080
 gagcccaaag gaaacacaag ttcttaggtcc aatggttctg ctcaaaccctg aacatcattc1140
 5 ttggggccag catctcccac atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcct1200
 gaaggacctt cctgagcccc caagccccatc ccacagtgtc cctgagatcca gccaaagaca1260
 ctgtgagcgc gatggccgtg taccggcaggat caggggtgtt gtctctatga aggagggcc1320
 cgaagccctt gtggggccggc ctcccttgag cccgtctgtg gtgccagccc tttagtgcatt1380
 caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatccctc1440
 10 tcactctgtc cactggtatac tcaacaccccatctgatccca gtaaaggctt ttctgcagca1500
 aaaaaaaaaaaaaaaa 1528

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

35 ggcagggtctc agcgctcctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
 ctttaggaccc aacttctttt accggccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
 cctcccgaaa gccccgggttg gggggggggcc acgggggaga tcccaagctc agtccccacal180
 aagttcaggg ccggtcggag gcagggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
 40 ctcccgactc cagcagcagc tccagcgtt cggacacgga tgtgaagtcc cacgctgctg300
 gctccaagca gcacgagagc atcccgggca agggcaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360
 agaaggggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420
 gggctcatta aactttcctc tctgcctacg agtacccaacc acctggagct aagatgctta480
 ggtggggggg ggccgcccga 499

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15 gggcacccgt tagttggaa cagcggAACG ctggtcccgg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcgaggaga gtttcgggtg ggcacatcggc ggcttggaa gctcgactcg tcccgctggg 120
aaagcgcgag tcttagtggaa accctggacg acttgcacagcg cggttggcgc agtcatggcg 180
gactactggaa agtcacacgaa aaagaaaattc tgttattact gcaagtgcgtg gatagcagac 240
20 aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaaga ggaaagaatc ataaggaaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtttgc tgcataatggaa ggcacgtgcc ctgaaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatac acagaaaagaa aagaaaagaga aagaagaaaaa aagatccctc 540
25 aaagggcaga tgggttagaaag gcataaacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcagagca tctcagtggg agaaacactga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggttag aagggttaag tgaagatgg tttacctatt actataatac 720
agaaacacgaa gaatccagat gggagaaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
30 gccttcttagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccctt gatgaatcca aatcatcaga 840
ttcgcatagt gattctgtatgggaaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaaatg ttaaggaaaaa aaataaaaat agtcatggag gaagtgaccc 960
agaaacacagaa aagaaaaaaa gtattcagaa acagaatcata tttagttcaatgatcaac 1020
atcgaaaact cttaaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt 1080
35 tgagtcctat gaggaggtatg atttggaaact tccaaagcact gaaaatgagt atgtatcaac 1140
ttcagaagct gatgggtggcg gagaacccaa agtggatattt aaagaaaaaaa cagtcacttc 1200
tcttggatgtt atggcagatg gatggcccccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg 1260
ggaaaaatctt aggaaaattt aaggcaacg agtcatggat ccaatagttt gcagggagag 1320
ctttttgtt acatgcttt tagggaccag aatggggaga cttttgccca ccccccaagt 1380
ttgtcccggtt ttttgt 1396

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 808 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

10 cctctgtcca ctgctttcgtaa agagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
ttggaggctt tcttagctcct gcccctagcta actataatata caacgtcaat gatgacaaca 120
acaatgtgg aagtggggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccatg 180
ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggatttatggaa aatggcttg 240
ctgcaaccag actccttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaaatca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac 360
caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcac cccaaacaaa gtcgatgacc 420
tgagcaagtt cgaaaaaaac attgcaaaaca tgtgtcggtt gattccaaca tacatggctg 480
aggagatgca agaggcaagc ctgtttttt actcagggac gtgtcacacg accagtgtac 540
tatggattgtt ggacatttcc ttctgtggag acacgggttga gaaactaaaca atttttaaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtggtt 660
tttaccatgtt cattctgaaa ttttctcta ctgttatgt ttgatttctt taagttcaa 720
taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
aaagatcacc caggtggaa gaggtgga 808

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1139 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacccttcc ttttatttgcac ccctgtttat 60
gtcccacatgttactgttattt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
catggaaaaat tattttaaa aatcgaataa tccttatttcaa gtcaaccagg gttaaccccg 180
gtgtgtttcc tgccagtcgttgc ttccctccccca tggggatgcac acaaaatgaa aatctccctag 240
aaagagaaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
gttcaacatc ctcaactcg agcgtcactg gctggaggtg gtctataaat ggaattggct 360

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagtttca gctgtcataa 420
 acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcggt ccccttcgct ttgaacttct 480
 tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgttag gaaataaagc 540
 catcggttc cacagtgaac acgcaggta gcttgggat aactttcagg cggtcttc 600
 5 tggtgataat tttgaaaatg tgctttgtt cctgtagaag gattcctgtat acccacat 660
 aagagggca tttggatttt gtcaactgaaa taatagcccc gtgaagatct gccttaaga 720
 gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
 tigtactgttt ccagagtca tggagaggga gaaaaaggct gtatctctgc tgctctgg 840
 taatgtcaaa gagccgcagc tccctccctt gcctggcaga gaagcccttg gcttcttct 900
 10 tcttcctt ggccttggtt cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
 ggtcctcgcg ggcctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaaggaagg ccctcacgaa 1020
 ggcctcgccc cgctgtgtc ctgaaggctg gacatcgag tcattcgcct ctttctgaga 1080
 caatgcattgg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2177 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

gcccacgcgt ccggtcgccc ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
 40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata taaaaaacag 120
 cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
 tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catggaaatc actctgcattc tgctttaca 240
 ctctgatcga gatccttattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtatgc caactgaaga 300
 aaatattgac agaatgtgcc aggatctcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
 45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaact ggaagatatt gcaaattgcag cgtagcagc 420
 tagtgcagta acacaagtag ccaaggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
 agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gttcatatc gtgcattaa 540
 caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgtttag gacactatag ttgacagcct 600
 cttctgctt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
 50 agcagaaatg gtagcagtg aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
 aaacagtctt ttacaggtg atacacttgg agctggccaa tttagcttc agaggccctt 780
 attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
 tcaagcattg gtgcacgtg tactggattt ccattaaac agggtaatt tggagaatc 900
 ttcaggagtg gaaaactctc cagctggtc tagaccaaag agaaaaaaaca agaagtctt 960
 55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt 1020
 tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg 1080

actttaaaagc attatggac tagaaggga agatgaagga gccataagta tgcttctgall40
 caataccgct aagctaaca cagctgttag tccttgcca gaactcctt gaaaaaaaagl200
 acttattgtat ctccatacaa atgttgccac tgctgttta gaacatataa aggcaagaaa1260
 5 attggatgtat tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatcl320
 tcttctagat ataataatca accctgtatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttgtt1380
 tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataal440
 aaaagcttta actgtatgcag gatgcaaccc taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
 ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccat1560
 10 gggctttta tcacgagtca tgaatcacagg atcacagttt gtgatggaa gagtgaagaal620
 cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
 gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgtat cccaaaatgc tgcgggcaal740
 15 tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgtt ttgtgggg1800
 aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tggactac ataaaggaa aacaaggcaal860
 acacattta tatggctgca gtgagcttt taatgctaca cagttcataa aacagtgtc1920
 acaacttggaa caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtggaa1980
 20 taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgtt ccttctctgt aacagtgtcc2040
 taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat tttaaggaa attatatact taatatgtat2100
 tgattaaaag aacatttc gaaataaaat ttcaacattt gaaaaaaaaa gtcggctacc2160
 tacacggata atatcg 2177

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatccccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
 tggtaatcg ccctggcctt ggctgcctc cttgttggg acagggaaat ggcagtgccal20
 gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
 50 tggcccaga tgtccaaacct ggtctgcggc actgtatggc tcacatatac gaatgaatgc240
 cagctctgct tggcccgat aaaaaaccaaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
 tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtgggtggca360
 tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

cttctttgc catccattt ccttggca ct gcaccatttc cccaatttattt ggccaaatccc 60
taggctttctt gggttttaca atgggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaattt 120
aaaaaaaaaaa ggttaatggtg atggataaaaa taagcagatc aagggaagtgg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tctttagtac cagtttcttgc gcagatagta aacatccaaat 240
cacaaggat tttcctgaa ggggtgaaat ctggtttggaa aatttctttag tcacagagca 300
gcctacacat gccaattttaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaat ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagcttctc agtagtttctt tgctttttt aagtttcgtt 420
gaatcgacag tttgcacaaac gtgttatattt ctgtgggtca aaacccaatgt aataactgtgt 480
aaagtggca gattttcca gctaagatca agaaaaaaaca aattttcttga taaaacagg 540
tttagagttagtca aacactctc taaagtgcacaa aactgatgtt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcttgca gaatggaaagg gagagacgtt aacacaggaa ataaatttaca gtcagtgtca 660
gttaattttag gaaaaggaa aaataaaacca aactcaagtc ggtttttttt atcaaaaat 720
tcaatgtatgtt agctttcccc actctctgtc acacacgtt gctaacaatgtt atattaaattt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttgtactgt aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
40 agctcgaaat aaaaataaaaa ggacttatttca atgtcatgac tgcttgg 1020
atatgcattt cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg 1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttggaaaall 1140
ggccatttccctt gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgtatgt tttttcttgcata tccgttccag 1200
ctctaactgt tctgccaccc tctgtatcc acctttgaga tttttcttgcata tttttatgat 1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgaaaaat ctctaactgt tctgccaccc cctgtatgg 1320
45 cgagtcgttgg attgacgaaa taatagtgc 1349

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 3552 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHEtISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15 atttaatctt cattcttcta ctatccccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcat attagcctct 120
taccctatt aatattttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaaataa gcttcaaaac tgacttttc tctatccgt 240
20 ttacatctgt agccctttt gtcacatgtat caattataca attctcttca tgatatatac 300
actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac cttagccaac aacatatttc aactttcat tgctgagaa ggggtggaa 420
ttatatctt cctactaatt ggatgatggt acggacgaac agacgcaaact actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcatcgagg acatcgatt cattttagct atagttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactggtccg attccaccacc ctcacgacta 780
ataataactt tatttaaca actatacttt gcctcgagg cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttgtc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgccctctt acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acaccttagca ttccctacaca 960
tctgtaccca cgcattttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcatal020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaatccatc ataccattca1080
catcatcatg cctagtaatc ggaaggctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaattt atgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgtc cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgccccccc ccctaacttc cattaacgaa aatgaccag1320
acctataaaa cccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcctcacaat accatgattt taaaaaccal440
40 cagecctaatttccatgta tttaggattcc taatcgact agaactaaac aacctaaccal500
taaaaatctt aataaataaaa gcaatccat attcatctt ctcaacttta ctgggtttt1560
tcccacatctt tattcacccg attacaccca taaaatctt caacctaagc ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttgc atctggtag aaaaaaccat cccaaaatcc acctaactc1680
ttcacacaaa cataaccaact ttaacaacca accaaaaagg ctaatattaa ttgtactttal740
45 tatcattccat aattaacatc atcttaattt ttatcttata ctcaatttaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaataac ccgcaaacaa agatcacca gctactacca tcattcaagt1860
agcacaacta tatattggcg ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatac atcaaccaat ctcccaaaacc atcaagatta atactccaa cttcatcatal980
50 ataattaacgc acacaaatata aaaaaacctc tataatcacc ccaataacta aaaaacccaa2040
aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaacatcc ccccttaataa aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccacccaaac cctaaaaacca ttaaacaacc aacaaacccaa ctaacaatata aacctaacc2220
tccataaaata ggtgaaggct ttaatgctaa cccaaagacaa ccaacccaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactcgaa ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cgttgttaatt caactacaga aacaccatc gatccatgaaaacacacc2400
cattatattaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttcttaggat tctgcctaat agtccaaatc attacaggtc2520
ttttcttagc catacaactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
tttgcgaga cgtaaattac gggtgactaa tccgatatac acacgcaaacc ggagcctcaa2640

tatTTTTtat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcataatacat 2700
 ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttgc agtcatalog acagcattta 2760
 taggctacgt cttccatga ggacaatata cattctgagg tgccacagt attacaaacc 2820
 5 tcctatcagc catcccata attgaaacaa ccctagtcga atgaattga gggggcttct 2880
 cagtagacaa agccacccctg acccgattct tcgctttcca cttcatctt ccatttatta 2940
 tcgcggccct agcaatcgtt cacccctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa 3000
 caggattaaa ctcagatgca gataaaattc cattcaccc ctactataca atcaaagata 3060
 tccttaggtat cctaattc ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca 3120
 tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta 3180
 10 aacccgaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag 3240
 gaggtgtcct agcctaattc ttatctatcc taatttttagc cctaataacct ttccttcata 3300
 cctcaaaagca acgaagccta atattccgc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag 3360
 tagccaaacct acttatctta acctgaattt ggggccaacc agtagaacac ccatttatta 3420
 15 tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct 3480
 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaaac acgatcggtt 3540
 gacatataagg gc 3552

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

tttttttttt ttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
 gtaaggccag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt 120
 45 tctttttctt ttgctggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct 180
 gaatggcagt cgcagggtta ttccaaagtt ggagtcttct caggaagttag gggagactgg 240
 atccccagct aatggaaattt tcactgtgat gtctgtttc tcagtgaatt cttccagaaa 300
 gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgttgt ttgcggctgg 360
 cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcaat gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag 420
 aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagtttta gtaggtcaat 480
 50 gattgaattc tgttagttctt tattgattga aactaattct gacagggggaa aagccacagt 540
 cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgctt agtagggta 600
 a 601

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2147 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

25 agaaggggaa caaaaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaaa ccacaaaagct acaacactga 60
ccctctttt ttttgagac ggagtttgc tcttgttacc caggctggag tgcatggcg 120
tgatcttggc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgatttcctt gcctcagcct 180
cccaagttagc tgggttata ggtgcccggcc accagacccg gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcacccacg ttggccaggc tggcttaaa tgacccttatttttaact 300
tggataacctg ctattctgcc aaaagacaat ttcttagagta gtttgaatg ggttgatttc 360
30 ccccactccc acaaactctg aagccagtgt cttagctact aaaaaaaagag ttgttatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataaggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctcttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata gtaaaactag ggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt cttctgttt tgagaagcag 600
tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctcttggttt ccctcatgat aataaattt 660
35 tcataactca gtaacatgaa cttgcccccta gaggttagtt ttaataattt taaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagcttct gttgcaaaa cttggagga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggt 840
acttgactat atatgttgc tcctgtgcct cccttcataat taatattttaaaatattt 900
aatttatgtt aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtctt 960
40 aggataggca agaccctgtt tgaatagtac caaagcatta ccgcattgtt gagaacacac 1020
tcgataaaaa atgttaagct atctgaaaaaa taaaatgtc aagtcttcag gatggcacaal 1080
aacaagggtt aatgcttctt gggcacatt tcttagaggg ctgtctgat gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tggattactt acatgacttc tggacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
gtttcagctc tggattactt cagttgaccc ttgtgaaggt tttatctgt tggaaatgg 1260
45 tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttctt cactctgtat taaaataaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttt gcttccttt 1380
gtcaggctt ctgaacattt agatatctg aacttagagc tcttcaatcc taagatttc 1440
atgaaaagcc tctcaacttga accaaacca ggtacttctt actgccttctt ttctaaatgt 1500
tcaggaaaag cattgcccattt tcaatgtttt caaaatgagg gagaacatt tgcctgcctt 1560
50 gtaataacaa gactcagtgc ttatttttt aactgcattt taaaatgg atagataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg cacccctgtt tttttagttt cttaatctaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgtt acaagccacc atatgcacag 1740
actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtcttga ggtgaattac aaaagtccag 1800
ccattatcat cctcctgat tatttgaat gatttttttt gtacattttt gctgcagtat 1860
55 tgggtttaga atataactata atatggatca tctctacttc tggatattttt tatttattac 1920
tagacctcaa ccacagctt cttttcccccc ttccacctt ctttgcctgt aggatgtact 1980
gtatgttagtc atgcactttt tattatata ttagaaatctt acagatctgt tttgtacttt 2040

ttatactgtt ggatacttat aatcaaaaact tttacttaggg tattgaataaa atctagtctt2100
actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

cccacgcgtc cccggaaacg gcggcgccgg cgacaggacc gaggggcctt agttgggtggg 60
30 caagtcgggg atccccagaaa gagaagcgtg acccggaaacg gaaacgggt gtccgtccca120
gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggatgtggcg ccggaaagacg180
ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gcccgtgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
cgcgagcgtc agaaactaga gaccaggag aaaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
gccaagcaag gccagatgaa tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt ggcgcacccgg360
35 cgctatgtgc gcaagtggat attgatgcgg gccaacatcc aggtgtgtc cctcaagatc420
cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggtgtcac caaggccatg480
ggcaccatga acagacagct gaaggcccagatccaga agatcatgat ggagttgag540
cggcaggcag agatcatgaa tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgtatgtc600
ccgtgggttt tggggaaattt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 45 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaaggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgtatca ggtcaaggaa ggctgtgac 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgcctca tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatca ggcctatgcaa 240
agtctgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgtatg 300
aaggctggga tcatacgagga gatgttagag gacactttt aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tcatttgcatt tacagcagg 420
20 gccttggca aagcacccag taaagtgtact gatgcccttc cagagccaga acctccagg 480
gcatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggctggcca cactccgcag ctagggctg cctaccccgc tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtcttgc actacacccctc tgggtgtgagg actaccattt 660
tggagaaggt tctgtttgtc tcatttgcatt ctctgcccag gtttggat cgcaaaggaa 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt agaaaaaaaaaaaaaaa 780
a 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggccccgg 60
aaggaaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcatatctg ctcggtagac 120
ctggcacc accaccatgt tggctgcaat gctgggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
g -tttccac ccagtttca ccaaggc -ccctgtgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

tcaatggctg ttaacacct a gcagggaaa tgccaccaa acaagaattt ggatccggcg 300
 tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
 taaaattgtat cagatggaa gatggttgt tgctggaggg gctgctgtt gtcttgagc 420
 attgtgtac tatggcttgg gactgtctaa tgagatggaa gctattgaaa aggctgtaat 480
 5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacccat atgtacttag cagggagtat 540
 tgggttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
 gatgagaggc tcttgggtga caattgggt gaccttgca gcacatgggtt gagctggaat 660
 gctggtacga tcaataccat atgaccagag ccacggccca aacatcttgc ttgggtgt 720
 acattcttgtt gtatgggtt cagtggtggc tcctctgaca atattagggg gtccttct 780
 10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tggggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
 tgcgcccagt gaaaagttt tgaacatggg tgcacccctg ggagtgggc tgggtctcg 900
 ctgtgttgc tcattggat ctatgttct tccacccat accgtggctg gtgccactct 960
 ttactcagt gcaatgtacg gtggattagt tctttcagc atgttccctc tgtatgata 1020
 ccagaaaatgt atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc 1080
 15 cattaactcg atgctgagta tctacatggta tacattaaat atatttatgc gagttcaac 1140
 tatgtggca actggaggca acagaaaagaa atgaagtgc tcagttctg gcttctctgc 1200
 tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagttgttca aagcagct 1260
 tcgttgaagt tttagaaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat 1320
 20 gcctcaggc tgccttttt tctggagaat aaatgcagta atccctctccc aaataagcac 1380
 acacattttc aattctcatg tttgagtgtat tttaaaatgt ttgggtgaat gtgaaaacta 1440
 aagttgtgt catgagaatg taagtcttt ttctacttta aaatttagta ggttcaactga 1500
 gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atatttttt ggagtgcaga atattgtaat 1560
 taatgtcata agtgattttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag 1620
 tctttgttt tttaaatac ttaggaactt agcacctggg gtatggtaa ttaggtgagg 1680
 25 gagcccgta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

50 caccccccagc ccctgctctg aggacccgag aaacgaggag gcccggtggcg agtctccacg 60
 tgggtaccgg cgctctcgcc gcccgtagcc accccccgc cgaagccga catctcgagt 120
 tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacggcga ggaacccaat aagctgcttc 180
 gcctcggagc tgaagccgt actcaagatg gcggctccgg gccccgtgg ccagtgacta 240
 55 gaaggcggagg cggccgcggga ccatggcggc ggcggcggac gacggagtc cagaggacgg 300
 agaagacgag gaagaggagg agcagttgtt tctggtgaa ttatcaggaa ttattgattc 360

agacttcctc taaaaatgtg aaaataaaatg caaggtttg ggcattgaca ctgagaggcc420
 cattctgcaa gtggacagct gtgtcttgc tggggagttt gaagacactc tagggacctg480
 tgtttatattt gaagaaaaatg ttgaacatgc tgatacagaaa ggcaataata aaacagtgtct540
 5 aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
 gaaggaagga gaagaaaaaca taggtgggtt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
 ctcctatcga cccaacatga tttgttaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
 agttcagcc ccagataaat ctttggattt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
 gttcaaaccg gggtttgtt aaccggggga acccattgcg cttggaaat t 831

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 744 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

tgaagttcta agagcttcc aagtttggga aggtgtccgg gtttctgcg attacttctc 60
 35 tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg atttaatga taggtgtcat120
 atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
 ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggc ttacagcaac ccaacgtctc240
 atcttccat agtaaagatg acggcgctt gagtaagct acaggcaaca ccactccgc300
 gtttcttgc cggcctggc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tttgtctgag360
 40 atccccgtgc tgaagactaa cggcggacc cggatcgatg agttgtgggt gcagcgactg420
 aaggaggaat atcagtcct tatccgtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
 tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggatatc540
 catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttccatcac atatcctact600
 45 actgcccac aaattgcgt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggttag660
 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaa agaaccttaa ggaagaactt cgtggcgaa720
 gggagagcat caggaagagt agct 744

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgt ggcgcggccgc ggaggcgctg 60
ggccggcgcc ctccctgcagc gggcgcccc ctgcagccctc ctgcccaggg tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctccttagcc aaaaaggaaaa caagcaatct 240
atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca aaaaaatttg 300
tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac cttgtactt ttgtggggac 360
ttggAACACG ttgttatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
20 ctatccagcc ctcacagaag tcataataa actcagagaa aataaggaat ttttsgaatt 480
tcgttaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctctgt tggagttcag 540
tttcttggaaat gagcctgtgc caagatccgg acctaataata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gtcgtgcac tccgcttcag 660
acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatgtt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatctca gaccaggaa gacatacggg atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aatttgtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatggg 840
atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgt aagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaaat taattttaaat tgcgtatcaa 960
gtgaaaaaaa aacactgagg tttaagctg ctgtatatac ctgtgagaa acctctttc1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaaggaa agaattacag ttggactgtat tgcacagt1080
ccttgcgtc ctcttggaaa cacccctgtgt tgcgttactt accttataac acttagccac1140
ttctccccac cctccagaag gggccacgt tgaatttctgtatcatcttga aaataagatt1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaaa caaatctgtt1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgcgttactt tgcgttactt aatttgtcat1320
40 gtttctcaag cagttttctt gagtagttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa1380
taactgaaaa ttgtttact cactctcatt tgcgttactt accttataac acttagccac1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcgtt ttcacatcat gtattgtat1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgcgttactt tgcgttactt tgattttga1560
atgaacacac tgaatagcac taattttat tgcgttactt ttcttataac aaaacaatgt1620
45 gctctaggaa aagagggttt attttgtaaa cgcattttc tgcgttactt accttataac acttagccac1680
ctaataatccc aataagctca cagcagataa ttctgttactt tgcgttactt accttataac acttagccac1740
gttggatgtt aaattggcat aaagctgtcat tgcgttactt tgcgttactt accttataac acttagccac1800
ttaatataatgt atgccaattt tgcgttactt tgcgttactt accttataac acttagccac1860
50 ttgtctggcc cacaatcaag aatgtatgt tgcgttactt tgcgttactt accttataac acttagccac1920
caaacttttta catgtgaatg atttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcccttt1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2017

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20 cgca... 60
tctgtggcag cggcgccggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg 120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctccctcaaa aatgagaaag gacaatata 180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga 240
25 agtaccacgc tggtctaattg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat 300
taaacaagat gtgaaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg 360
atataatctgg aactatggtg ccattccctca gacttggaa gaccaggc acaatgataa 420
acataactggc tggtgtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtaaaattt gaagcaagg 480
30 atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttcttaggc atattggcta tgattgacga 540
aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta 600
taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagctt ctgtgactg 660
gtttagaagg tataagggttc ctgatggaaa accagaaaaat gagtttgcgt ttaatgcaga 720
35 attaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc 780
attagtgact aagaaaaacga atggggaaag gatcatgttg attgttcaac tttcggttgg 840
gccccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcataagacaa agggcctcag aatcgcgca ggcgaattgt gccctggttc gccaagatgt 60
cgttccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccaggcc 120
10 aataacaat atctccggaa accccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccc 180
gctgaaacga gagtacctgc ttcatgtacaa cgatcccaac cgccgaggc tcatcgaaaa 240
tcctgccttg ctgcgttggg cctatgcag aacaataaat gtctatccta atttcagacc 300
cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggcccctca tcctcattta 360
tttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga 420
15 tcgaacattt cacctctcat attaagtctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa 480
ataaatcatc tattaatcat taaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaagtgc 540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1912 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
ttacagcctt tcgattatga tcccaatggaaa agttaaac acagggttatg gttcagtcta 120
tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
45 accttatggaa ttcaaaactt agatgtgtt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
atgatgtaga aataaaataaa attatatcca caactgcac tc aaagacagaa acaccaatag 300
tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaatg taagaaggat atgaaagaat 360
gtaaggaggct gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggaag 420
aagatggact gcggtatggg aagacagtgc agagcaacag ccccatatca gcattagccc 480
50 caactgggaa ggaagaaggc ctttagcaccc ggctcttggc tctgggtt ttgttcttta 540
tcgttgggtt aattatggg aagattgcct ttagaggtt gcatgcacag gatggtaat 600
tggattggtg gatccaccat atcatggat ttaaaattt cataaccatg tgtaaaaaga 660
aattaatgtta tgatgacatc tcacaggtct tgcctttaaa ttacccctcc ctgcacacac 720
atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780

agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaaggaaa ccatgagtaa 840
 tgccacaatg gcatattgt aatgtcattt taaacatgg taggcctgg tacatgatgc 900
 tggattacct ctcttaaat gacacccttc ctcgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
 5 tggagcccag catgctgggg agtgcggta gctccacaca gtagtccccca cgtggccac1020
 tcccggccca ggctgcttc cgtgtctca gttctgtcca agccatcagc tccttggac1080
 tcatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcg1140
 ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaaa tggcagtgt1200
 ttgttcaattt aaaggggacca agctaaattt gtattgggtc atgtatgaa gtc当地actgt1260
 tattcagaga tgtttaatgc atattaact tatttaatgt atttcatctc atgtttctt1320
 10 attgtcacaa gagtacagt aatgctcggt gctgctgaac tctgttggtt gaactggat1380
 tgctgtgga gggctgtggg ctccctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggagggtggg1440
 tttattggta tgctggagaa gagctgccag gaagtgttt ttctgggtca gtaaataaca1500
 actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac ctttttaat1560
 15 gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc1620
 cagcggccag gtccaaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcaagg1680
 caaatggatc gggctgcaga gggtagaaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
 aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttcttagtact agttgagagt ttgactgtga1800
 attaattttt tgccataaaaa gaccaaccca gttctgtttt actatgttagc atcttggaaa1860
 20 gaaaaattat aataaagccc caaaaattaag aaaaaaaaaa aaaaaataact gc 1912

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgttaaat 60
 accatgggac aggattgttaa ggatgaaaaa ctcagtcac aactgcctca caagggataa 120
 gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggta aaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
 accatttccc caaggaataac ctcttggcat ttccctgaatg agtgggattt gcaatctaaa 240
 50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggattt taaaataaac 300
 atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttttaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
 tttatattatg aatttcataa aggactcaat gtgcactga catctgctag tgatgatctg 420
 gtaatataca acctgtccag tagccgaaca gtttgggtt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
 gagatcatta aaggcaaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaaaaa tcaccgtggg 540
 55 ccatactacc aatgaaatgg tagttaaaca aatcttttc tggtaagag aaaaaaaaaa 600
 aaaagaaaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccctag aaagaatcca 660

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctcg 720
 aaggatgcag ttgaggttga tccaggtaa tccgaatgtg ctaccttct gagccttaaa 780
 ctttcatctc tcaggtgcgg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
 ttacacttctt catttagtt ctttgcgtt gatcattaa gtgaaacact gtgtgtttt 900
 5 ggcataggc catcttgctt agatgcattc agtggAACAG cttgcttagg ttccatata 960
 ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcattc tcaatttggaa atccattaaat 1020
 tcatcaggtt ttgcctctt ccacacagct tccatatactg aagtgtttgg tggagcaaa 1080
 attgtctgtt cattaaactt gtgttactc ttttcattcg gatcatagtc aaaggcgtgt 1140
 agcattactg aaacagtac agttgaccct gggtaataa ttccactgtt gggcctcac 1200
 10 cagtaccggc gaggtgttgtt agtcttcaact ttgaaacaca ctttcttac cgtatggattt 1260
 cgcaatttaa gattttagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gagggtctgt 1320
 ggcggatcga gacccaggat ctgctcgctc tcgcctatggc ccctgaggcg gacgcacatcg 1380
 gagagacagc gcagagcagg gggcggcttgc ctcgctgggg gccccggacg atggcgagag 1440
 15 gggagggggc gcgagttcgc atctcttcc ttccctgtt gactctgttc aaccacattc 1500
 ttatgttggc agatctgctt ccagattgtt ttttagagca ccatcactt cacattcctg 1560
 attctgattt tgttttgtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgtt ccccgaaaat 1620
 actatatttt tgagtttgtt ttctgaaagc ctccgtgtt ctggatctt gggggaaaat 1680
 acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgca tttttctaa 1740
 atatgggat atttacattt attaagaaat tataactaaac attgtatgtcc ttgatcattt 1800
 20 tatgtctca tattacttt gattctacta tgattgtgtt gtggtaaca aagatcattt 1860
 caaacaaaaa ctgttaattt gttatattt attcaatgga atttacctaa aaaataaaga 1920
 ctaaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1458 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

50 cggctcgagc ggctcgagat tcgaggttgtt ggtggcttg gaagagcgac gaggggccg 60
 tggacgttga atggggccgag gagatggatt tgattctgtt ggcaaaacgtt aattttagat 120
 gcatagttga agttagatgtt ctggccttga gcacgaggac aaacgtggag ttagcggatc 180
 tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaatata ttcagaaaca 240
 aatatcttat aattacagtg acttggatca atcaaattgtt actggatggaaa cacctgaagg 300
 55 tgaagaacat catccagtttgg cagacactga aaataaggag aatgaagttt aagaggtaaa 360
 agaggagggt cccaaagaga tgacttttggaa tgagtggaaat gctattcaaa ataaggaccg 420
 ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatggc aatggaaagaa 480

5 gggatttgtt cttcataaaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
 ccatcatttc cggaaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
 ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtgggtggcg 660
 cccaaaccgt ggcagcagga cgcacaagtc aagtgcctct gctcctgatg tggatgaccc 720
 agaggcattc ccagctctgg ctttaactgga tgccataaga caaccctggt tccttgtga 780
 acccttctgt tcaaagctt tgcatgcta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
 aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
 gaactctcc cgctacacag aagtaacaaa tatgtagtc agttttgtat ttagaaaatgt 960
 10 attgttagca gggatgttt cataatttc agagattatg cattcttcat gaataacttt 1020
 gtattgctgc ttgcaaataat gcattccaa acttgaataa taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
 cagtttaaag ctttcacttc atttgtttt ttaattaag gatttagaaag ttcccccaat 1140
 tacaactgg ttttaataat tggacatact ggttttaata cctgcttgc atattcacac 1200
 atggtaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaattt ttagtctgt tggaaatact 1260
 15 actataatgta ttttaactta gtttaataat tttcattttt gggaaaaat ctttttcac 1320
 ttctcatgat agctgttata tatataatgct aaatctttat atacagaaaat atcagtactt 1380
 gaacaaattc aaaagcacat ttgtttatt aaccctggc tgccctggca tggggccat 1440
 ttgggtcca aattataa 1458

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

45 gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
 cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 300
 ccaaccctcc cccacccccc cccttacaag tcacctgggt aagccaaacct gaattctact 360
 cacctggcg tggaaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgg 420
 50 gttatggagg ttttgcgtatc tatggggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
 ttgtatgacat aatgagagat ggaagaggtt tggaggaca tggctatggt ggagctgg 540
 atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatata gagagggtt cctttcgtg 600
 caactgaaaa tgacattgtt aatttcttct caccactaaa tccaaatacga gttcatattg 660
 atattggagc tcatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagttgtg acacatgaag 720
 55 atgcgtatgc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatata attgaactct 780
 tcttgaattc tactcctggc ggcggctctg gcatggagg ttctggatg ggaggctacg 840

gaagagatgg aatggataat caggaggct atggatcaagt tggagaatg ggaatgggga 900
 acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggttg 960
 gagggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtttgg aggtggatgg cgtggatgt 1020
 actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagactt 1080
 5 cttacagatt taatttctt tgtatTTaa gaactttata atgactgaag gaatgtgtt 1140
 tcaaaaatattt atttggtaaa gcaacagatt gtgatggaa aatgtttctt gtaggtt 1200
 ttgtgcata ctttgactta aaaataaatt ttatattca aaccactgat gttgatactt 1260
 ttatatact agttactct aaagatgtgc tgccttcata agatttggg tgatgtattt 1320
 tactattagt tctacaagaa gtagtgtgt gtaattttag aggataatgg ttcacctctg 1380
 10 cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtcta 1440
 tttttctt agttcctctt ggacaacact gtaaaatataa agcctaaaga tgaagtggct 1500
 tcaggagtt aaattcagtt aattttttt atatttttat tttcaaatg tcatttatca 1560
 ggcatacgct taaaaacattt atgatctaag aggttattgt ttctgaatat tcataattgt 1620
 gttacccggg tatgagatgt ttgaaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc 1680
 15 ctttcagcac ttgaccgaaa tacaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggtt 1740
 cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggtt ctcagtgaca caagaattca gtattaagt 1800
 cataggatt tactatgggata tataattctc acaattgtat ttccagttt ctgcccata 1860
 gagtttaat aactgtataa atgatgactt taaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca 1920
 tagtcaataa aaacaatctt gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag 1980
 20 tttaaagaat ctatcatgtgcaagaaaatg gtgccttttta atttaatcc ctttgatcaa 2040
 tatggctttt ttccaaatgt gctaattggat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt 2100
 tattgaactt gttacttggtt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tggggagat 2160
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2188

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

50 ctcgctagtt cgatcggttag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
 caccggccgccc gccggccttag ttaccatcac acccccggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
 ggccccagtc accatcacccg caaccatgag cagcgaggcc gagacccagc agccgccccgc 180
 ggccccccccc gcgcccccccg ccctcagcgc cgccgacacc aagccccggca ctacgggcag 240
 cggcgcaggg agcggtgccc cgggcggct cacatcgcg ggcgcctgccc gcggggacaa 300
 55 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
 tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgcccataaa 420

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgttaggagat ggagagactg tggagttga 480
 tgggttcaa ggagaaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggcctcg gtgggttcc 540
 agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
 5 gggcctcca cgcaattacc agcaaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
 gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcagggcgaag 720
 gttcccacct tactacatgc ggagacccta tggcgctcg ccacagtatt ccaaccctcc 780
 tgtgcagggaa gaagtgtatgg agggtgctga caaccagggt gcagggagaac aaggtagacc 840
 agtgaggcag aatatgtatac gggatatacg accacgattc cgccggggcc ctcctcgcca 900
 10 aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
 aggtcagcag ccaccccaac gtcgggtaccg cgcgaacttc aattaccgac gcagacgccc 1020
 agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaal 1080
 ttcgtccgct cccgaggctg agcagggcgg ggctgagtaa atgccggctt accatctct 1140
 ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatgal 1200
 15 acaaaaagatt ggagctgaag acctaaagtgc ttgcgtttt gcccgttgac cagataaatal 1260
 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctcl 1320
 tttttggtaa taacaaacgt gtttttaaa aaagcctggt tttctcaat acgccttaal 1380
 aggttttaa attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaatl 1440
 ttgtataaaa agtttacaac ttgatTTTTT caaaaaaaaatc aacaaactgc aagcacctgtl 1500
 taataaaggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggatata 1548

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

45 ggaccgcttc cccccgagccca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgccttc 60
 tgccggggct ggtgatttggaa ggaaaccccg tgcgtacgg aggctgttag cctgtgagca 120
 gcgagatcca gggacagaggt ctcagcctcg ccgctgtgc cggccggcc gcccagagac 180
 tgctgagccc gtccgtcccg cggccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattgg 240
 taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgt atgatgacat 300
 50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
 tcttcctctca gttgcttata aaaatgttgtt aggagccgt agtcatctt ggagggtcgt 420
 ctcaagtatt gaacaaaaga cggaaagggtgc tgaaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
 cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctctttgg 540
 aaagtcttg atccccaaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
 55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttggccgtgg tggatgacaag aaagggttgg 660
 tcgatcagtc acaacaagca taccagaag ctttggaaat cagaaaaaag gaaatgcaac 720

caacacatcc tatacgtactg gggtctggccc ttaacttctc tgggttcttat tatgagattc 780
 tgaactcccc cagagaaaagc ctgtctctt gcaaagacag ctttgatga agccattgct 840
 gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
 agagacaact tgacatttg gacatcgat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
 5 ggagggaaa attaaccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020
 agaccatttg tcatccatgc tggccacaa atagttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
 ttatgttact tctatggaa ttcttatatt ttccctgtgg gtttatgtt tagtttggg1140
 ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag ttgtctgtt ttctgtctt gagggtgggcl200
 ccagtatggg ggggtgttgg gatttttgt taccagttt tgaggtgtt ttgg 1254

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttccctttttt ttttttgta gagcagggtc 60
 actttattgg tatagagact gcagagggac cagggcttt agctgttggc agctatggg120
 tccttaatcc agtccacata gtttagacc ttgggtgtaga ctccaggccct gttcttctgg180
 gcacagccat agccccagga gacaattccct tggagctctc cattggagac cacagggcca240
 40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agcccacaca gaacatgtt300
 ttggtaatct ttccagggta ggaggcttca cactcagccct ggctcagcac aggagcatcc360
 aggacttgca gtcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttggcc ccagccggag420
 atgagggact cggtccacgc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
 45 gaattgtga cggcaggtga ggagagcttgc atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
 ctgttgtatt tggggtggcg gatgatcttgc gccgcattga tgaactgttc attccctcc600
 aggacttcga tgggtgtgtc tcccaacttgc acctggatgc gggacttgc gcagtgcac660
 gctgacacca cccactgttc gctgtatgggg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
 aaggacacct ggtagggac agaattctcc tcacagatgt agcccccaac gatcttgtca780
 50 tcatacatcaa aggggccagc aacagcagct gcaacaaaagg taaggatcag aagtagattc840
 atgggtgttag agtgtgcctg attgtgtgt gagaaccctt ctttataacct cccgaggatg900
 gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctccctc ccagcacaaa caca 954

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

ggcggacccg ccgggggtcg aggctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
ccggggccc cagggtcgct tccccttagag agggatttc cggtctcggt ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gccgatccgt cccggataag 180
25 accccgtgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgcagaggaa gagcgcagcc 240
ggcctcgaag aacttctgtct tgggtggctg aactctgtatc ttgacctaga gtcatggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcagatt caatgccatg gaagatgccc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcg gcaccgtatg agacgcccatt attagcgtcc 420
ttgccttaccg caacaccgccc cagcgcaggc agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtcg aactgagtgg caacttcgag caggtgattt 540
tggggatgtat gacgcccacg gtgtgtatg acgtgcaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac ttagtgaggc tgccattatg agatcctggc cttccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gaggcttcaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgatcatg ttccagcggag tgctgggtc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgtctcg tgagacagga tgccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttccggaa 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgtatg aataaaaaag gatatcacat aaggatattt 960
aacagagttat taaatctgaa acatctggta gcttgaaga tgctctgtg gctatagtaa 1020
40 agtgcattttt gaaacaaatct gcatatttt ctgaaaagct ctataaatcg atgaaggct 1080
tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggttc tcgagcagaa attgacatgt 1140
tggatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatcaagg 1200
gtgacacatc tggagactac agggaaagttc tgcttggatc ctgtggagga gatgattaa 1260
ataaaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttt aatttttttta acttcatttt 1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg 1380
45 cctcttagaa tatagactgt ctgttatttattt attcacctat aatttagtcat tatgtatgctt 1440
taaagctgtt cttgcatttc aaagcttata agatataaaat ggagattttta aagttagaaat 1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tggtttcac agacattgaal 1560
tatattaaat tattccatattt tttttttca gtaaaaattt ttttaatgg aagactgttc 1620
50 taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagttggct agtagttct tcatttgaal 1680
ttgttaagcat ccggtcagta agaatgccca tccagtttc tatatttcat agtcaaagcc 1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac 1800
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgttagtc 1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtaggtttat acaaaccata 1920
tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatatt tattatagtt aatgtcttaa 1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaat aagcttcaaa ctaggttattc tgggaatgat 2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tggctaaaa atactttta 2100
aaatcaattt tggatgtatgt agtaatttct atttgactg tgccttcaa ctccagaaac 2160
attctgaaga tgtacttggaa tttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaaa aaa 2213

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

cctcggtcag gtgcaccgct tggccctaaa agctctggag gatggccggg catatggtc 60
tccatgggtc aacaaacaga tcacaagggt cctaattgaa tgcgcagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcattt gttaatatgc agcagtatga 180
tcttcaccta gcgcaactaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagtttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtggt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaagaggattt ccccaactgtga tggaaagtatgt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga gcccactttatgtatca ttctgggatc tctcaagcct cagagatga 480
tgaccctcca ggcctgaggg agaaggcaga gtatcttctg aggaaatggg tgaatctcta 540
35 ccattcagca gcagctggcc ggcacactac caaagcttgc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa gaaatactgtga agaccgtatgtatca agttctttc gctgtgtac 660
tgaatgtgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
caatcccacc atgatcccgag ccaagtgtcta tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
40 tgcactgctc gtgaaacact caggggaggg cacaacact gtcacaaaga ttaatctgt 840
gaacaagggtc ctttgtatag tagtggagtt ttccttcag gatcatgtatgtatcat 900
tgaatttcag caactccctt accatcgaaat ttttatcatg ctctctttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttggaaa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt 1020
45 ccacatcttgc aggccatcca aagctcctgg ctttgatatgt gctggcttg aactgatttc 1080
ccatcggtata ttattgtcaaa gaatgtggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat 1140
gtatgcacag ctactgattt atttattcaa atatttagcg ctttcctta gaaatgtgg 1200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtgc tggtttttt 1260
gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatca ccattatggg ttctgtgtatgt tgatcccacc 1320
taattgtatc cagttaaagaa atttgcattt gagtgcttt ccaagaaaca tgaggctccc 1380
50 cgaccatttc actcctaatac taaaggtggc catgttggatg gaaatctaaca ttgctcccc 1440
gatttcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggatcc 1500
tcttaaaactt cgtaccagg tcactttctt gtctgatctg cgcagaaacctt acaggatcc 1560
aatgaacactg ggaatcgctt caacccatcg ctcataatg cactgggtctt ctatgtcggg 1620
actcaaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgtac caccatcact 1680
55 cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc 1740
tatctttt tgaatgcataatcg ctccggtaacc caaatagcca cactcactac 1800

ttcagttgca ccatgctgta ccttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacagl1860
 atcacaagag ttctcttgcg acgggtgatt gtaaataggc cacatcctt gggcttctt1920
 attaccttca ttgagctgat taaaaaccgc gcgttaagt tctggAACCA tgaatttgta1980
 5 cactgtgccg cagaatcgaa aaagttattc cagtcggcg cacagtgcg catggacag2040
 aagcaggccc agcaagtaat ggaaggac ggtgcggatt agacgaaact gcatctctgt2100
 tgtacgtgtc agtcttaggg tctcaTGCA ccgagttcat aaactgactg aagaatccctt2160
 tcagctttc ctgactttcc cagccctt gtttgggt atctgccccca actactgttg2220
 ggatcagcct cctgtttat gtggcacgt tccaaagtt aaatgcattt ttttactct2280
 10 tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
 gaaaaacctt tgcgtggac ttctggctt tgcgtcaagct gtgtccaaagg caagtacata2400
 aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgcctatcgat ctgtctcgag ggcatacgctc2460
 catgtcttct gacattcctg gtgtccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
 taacttattt ttttaatgtg gacagggggac cttgaaaatc actaagttat taaaatgtg2580
 15 gatgtgttag aattggatat gtccaggaac atggaaaggctt cttactattt gaatccatg2640
 agtttccatt ttgtctctac ccaaactgtat tccaaagctg actgcattt taccatctta2700
 tttctttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
 gaaaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctacccttac cccccccaca atcctctcct2820
 gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggAAC ccaaaccgcg attaattt 2878

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

45 atgatatttt ggatgttagtc ttttgattgt ttaaatctta aaaagtaatg ggatctttt 60
 acactgggtt atgttttattt tttatgtgtg caaatttaa ccatattctt ttcttagttaa120
 agagggaaaaa gcaagttgtt ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagac ggtgagactt180
 cgagagccct gtcattttctt aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
 ttggggaaaat gaggtacgtt agtgttcgat attttaaagg caaagtgcata attgatatta300
 50 gagaatattt gatggatcctt gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaaggatttctttaa360
 atccagaaca atggagccag ctgaaggaac agatttctga cattgtatgtt gcaacttgc420
 aactgtaaaaa ttcgagccat ataaaataaa cctgtactgt tcttagttt ttaatctgtc480
 tttttacattt ggtttttgtt ttcttaatgt tctccaaagctt attttatgtt tggattgcag540
 aagaatttgtt aagatgaata cttttttta atgtgcattt taaaaatat tgagtgaagc600
 55 taattgtcaa cttaatggat gattacttttgc tctggccacc acctgtgtaaataaaatc660
 aagtaataca atcttaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcagaaaat gctggaggca gcctcgtag ctgtgtgatc agggaggggga cagcaggcgg120
gaaccggta tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttgtt tggttcagga180
gaggcttttgc ttgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttccttggaa cataggacag ccagaatcg ggacaccagc tgcacagaca ccacccaaaa300
atggaaatca aatttaggttc attacatcg gaagtacatt tcaccctgtat cataaaagag360
ggacaaggaa gcaactgggtt ctactggata gcctttttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcaggggctt ttccccttagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctgttattttt tggttttga acgaaattga540
tggagtagca gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aagggtcgag aaccaagttc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggtt atctcataca agcttctctt gcttgatgtta720
ttgatgaagg ttccccctt ctgtccccctt cctgatcaca cagctaacga ggctcccca780
gcatttccttgc atttcctctt tggtataaaa agctttc 817

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 70:

15	gcaaggccata	ctgtcggtcg	ggaggggagg	tgttagccgt	ctttgggggt	aggcggtagt	60
	ggcggaaagag	gttcggcgcc	tgtatggcga	tcaggatcg	aagcctgcgt	aactttctcc	120
	cttgatccgg	gagtcttcc	actggattca	caatgacatc	cttcaagaa	gtcccattgc	180
	agacttccaa	ctttgccccat	gtcatcttc	aaaatgtggc	caagagttac	cttcctaata	240
	cacacctgga	atgtcattac	accttaactc	catatatattca	tccacatcca	aaagattggg	300
20	ttggtatatt	caaggttgg	tggagtaactg	ctcggtgatta	ttacacgtt	ttatggtccc	360
	ctatgcctga	acattatgtg	gaaggatcaa	cagtcaattt	tgtactagca	ttccaaggat	420
	attaccttcc	aaatgatgt	ggagaatttt	atcgttctg	ttacgttacc	cataagggtg	480
	aaattcgtgg	agcaagtaca	ccttccagt	ttcgagcttc	ttctccagtt	gaagagctgc	540
	ttactatgg	agatgaagga	aattctgaca	tgttagtgg	gaccacaaaa	gcaggccctc	600
	ttgagttgaa	aattgagaaa	accatgaaag	aaaaagaaga	actgttaaag	ttaattgccc	660
	ttctggaaaa	agaaacagca	caacttcgag	aacaagttgg	gagaatggaa	agagaactta	720
25	accatgagaa	agaaagatgt	gaccaactgc	aagcagaaca	aaagggtctt	actgaagtaa	780
	cacaaagctt	aaaaatggaa	aatgaagagt	ttaagaagag	gttcagtgt	gctacatcca	840
	aagcccatca	gcttgaggaa	gatatttgt	cagtaacaca	taaagcaatt	aaaaagaaaa	900
	ccgaattaga	cagtttaaag	gacaaactca	agaaggcaca	acatgaaaga	gaacaacttg	960
	aatgtcagtt	gaagacagag	aaggatggaa	agaacttta	taaggtaacat	ttgaagaata	1020
30	cagaaataga	aaataccaag	cttatgtcag	agtcagcac	tttaaaaaat	ttagatgggaa	1080
	acaaggaaaag	cgtgattact	catttcaaag	aagagattgg	caggctgcag	ttatgttgg	1140
	ctgaaaagga	aaatctgcaa	agaacttcc	tgcttacaac	ctcaagtaaa	gaagataactt	1200
	gttttttaaa	ggagcaactt	cgtaaagcag	agaacacagg	tcaggcaact	cggcaagaag	1260
	ttgtctttct	ggctaaagaa	ctcagtgat	ctgtcaacgt	acgagacaga	acgatggcag	1320
35	acctgcatac	tgcacgcctg	gaaaacgaga	aagtggaaaa	gcagttagct	gatgcagtggi	1380
	cagaacttaa	actaaatgt	atgaaaaaaag	atcaggacaa	gactgataca	ctggAACACG	1440
	aactaagaag	agaagttgaa	gatctgaaac	tccgtcttc	gatggctgca	gaccattata	1500
	aagaaaaatt	taaggaatgc	caaaggctcc	aaaaacaaat	aaacaaaactt	tcaagatcaat	1560
	cagctaataa	taataatgtc	ttcacaaaaga	aaacggggaa	tcagcagaaa	gtaatgtatg	1620
40	cttcagtaaa	cacagaccca	gccacttctg	cctctactgt	agatgtaaag	ccatcacctt	1680
	ctgcagcaga	ggcagatttt	gacatagtaa	caaagggca	agtctgtgaa	atgaccaaag	1740
	aaattgctga	caaaacagaa	aagtataata	aatgtaaaca	actcttgca	gatgagaaag	1800
	caaaatgcaa	taaatatgt	gatgaactt	caaaaatgg	gctgaaatgg	aaagaacaag	1860
	tgaaaattgc	tgaaaatgt	aaacttgaac	tagctgaagt	acagacaaat	tataaagaac	1920
45	ttaaaaggag	tctagaaaaat	ccagcagaaa	ggaaaatgg	agatggagca	gatggtgctt	1980
	tttacccaga	tgaaatacaa	aggccacctg	tcagagtccc	ctcttgggga	ctggaaagaca	2040
	atgttgcctg	cagccagcct	gctcgaaact	ttagtcggcc	tgatggctt	gaggactctg	2100
	aggatagcaa	agaagatgag	aatgtgccta	ctgctcctga	tcctccaagt	caacatttac	2160
	gtgggcattgg	gacaggctt	tgctttgatt	ccagcttga	tgttcacaag	aagtgtcccc	2220
	tctgtgagtt	aatgtttctt	cctaactatg	atcagagcaa	atttgaagaa	catgtgaaa	2280
50	gtcactgaa	ggtgtgcccc	atgtgcagcg	agcagttccc	tcctgactat	gaccagcagg	2340
	tgtttgaaag	gcatgtgcag	accatttt	atcagaatgt	tctaaattt	gactagttac	2400
	tttttattat	gagttaatat	agtttagcag	taaaaaaaaaa	aaaaaaaaacc	acacctaaaa	2460
	tagaccactg	aggagaccat	agagcggatg	ctttcatgca	cccttactg	cactttctga	2520
	ccaggagcta	cttgagttt	ggtgttacta	ggatcagggt	cagtcttgg	cttatcaata	2580
55	aattttaatc	tctgttaatc	ttaccaaaat	ttaaaaaaaaaa	aaaaaaaaat	cgtactttat	2640
	ttatccctag	ttgcagactg	ctgaataaaq	gtcaaggatt	atccat		2686

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 922 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

25 ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcatccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccggcgcg cgccctccccc gccggccggg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttcttttaa tccccctgcat cggatcaccc gctgtccccca ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaaatcac caccaaggac taaaaggaga agaaggaagt240
tgtggaaagag gcagaaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
30 aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtca g tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggtgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagaaaaaaaaa gaaaaagttt aactaaaaaaaaa aaaaaggccg ccgtgaccta ttcaccctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccc cccgcccacc600
gtgggcagtg ccacccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaaacccaa accatgagaa660
35 tttgcaacag gggagggaaa aaggacccaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtactttaaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780
tgttaggggtt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcttac ttctggactt ttacgttggt ggggttggta ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggaa aaaaaaaaaacct tt 922

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 45 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgccgtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct ccccccggcc gccagccgag gcagctcgag cccagtccgc120
ggccccagca gcagcggccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggAACGCC180
tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacgcagct300
gagggtgggtg tcctgggtgg caaagaccgg tcaagtttt acgtgaatgg gctgacactt360
ggggggcaga aatgttcgggt gatccgggac tcactgctgc aggatgggaa atttagcatg420
gatctcgta ccaagagcac cggtggggcc cccaccttca atgtcactgt caccaagact480
gacaagacgc tagtcctgtc gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggccctc ccacccctcg cgttcccaagt actgacactcg tctgtccctt600
cccttcacc gctccccaca gctttgcacc ctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttatTTTtg ggccattacc ccataccct tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggctgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctccctgtg tggttggaaa780
actttgttt ttgggggtt tttttctg aataaaaaaag attctactta aaaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg 870

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

ataaaagagg aaagagtgcc caggtctca ctccactgctc actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagt gatgggtggt gtcctggct 120
gcctccagct ctggaggca gcagtggta aagtccccct gaagaaattt aagtctatcc 180

gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
 ctgcttggaa gtaccgcattt ggtgaccta gcgtgaccta cgagccatg gcctacatgg 300
 atgctgccta ctttggtagatc acagcatcg ggactccacc ccagaacctc ctggtccttt 360
 ttgacacccgg ctccctcaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctggcagagc caggectgca 420
 5 ccagtcactc cccgcttcaac cccagcgagt cgtccaccaat ctccaccaat gggcagac 480
 tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca cccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
 tccagagcat ccaggcccc aaccaggagt tcggctttag tgagaatgag cctggtagca 600
 acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggccttgc ctaccctgtct ctgtccgtgg 660
 atgaggccac cacagctatc cagggcatgg tgcaggaggg cgccttcacc agccccgtct 720
 10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
 tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actggggcgc tgcacccag gaactctact 840
 ggcagatgg cattgaagag ttccatcg gcccgcaggc ctccggctgg tggcccccag cagtacatga 900
 gttgccaggc catcgtagac acaggcacct ctctgtcac tgcacccag cagtacatga 960
 15 gtgctttctt gcaggccaca gggggccagg aggtatgagta tggacagttt ctcgtgaact1020
 gtaacacgcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatgggtgtg gagttccctc1080
 tgccacccctc ctcctatac ctcagtaaca acggctactg caccgtggga gtcgaggcc1140
 cctacctgtc ctcccagaac ggcgcaggcc tggatgcct cggggatgtc ttccctcagg1200
 cctactattc cgtctacgac ttggcaaca acagagttagg ctggccact gcccctaga1260
 ctgtgccttgc ctgcacacgtgg gtccttcttgc cctgcacccct ccttagggcat1320
 20 tgtatctgtc ttccactt ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttcttaa1380
 taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaaaaaaaa 1418

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

gtggcagaaa acctcatgac acaaactctc cgcctccctg tggatgtctgc 60
 agcagcattt aaattctggg agggcttgg tgcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
 50 gcatcgctgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgcccacc 180
 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgcatt ttgcctccta ggcacatcac 240
 gtgcataacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag cttaacaaca 300
 aatacccaaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
 tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga cttaaacaa gagacccttc 420
 caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgac 480
 55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tggatgatgta gatgacactg 540
 atgattctca ccagtctgtat gactctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600

attttccac ggacctgcca gcaaccgaag tttcactcc agttgtcccc acagtagaca 660
 catatgatgg ccgagggtat agtgtggtt atggactgag gtcaaaatct aagaagttc 720
 gcagaccta catccagta cctgatgcta cagacgagga catcaccta cacatggaaa 780
 5 gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tcccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagt 900
 ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
 atgagcattc cgatgtgatt gatagtcaag aactttccaa agtcagccgt gaattccaca 1020
 gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tgggtttaga ccccaaaggt aaggaagaag 1080
 10 ataaacaccc gaaatttctgt atttctcatg aatttagatag tgcatcttct gaggtcaatt 1140
 aaaaggagaa aaaataacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaaa atgcttata 1200
 gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attgggttcaa tgtgtatct 1260
 tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taatttagttt agttgtggc ttcatggaa 1320
 15 ctcctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgca 1380
 actatcactg tattttataa tttgttattc tctcatgaat agaaattttat gtagaagca 1440
 aaaaaataact tttacccact taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataatcttt 1500
 gtttttaag ttagtgtata tttgtttagt attatcttt tgggtgtga ataaatcttt 1560
 tatcttgaat gtaataagaa tttgggtggg tcaattgtct atttgggttcc acacggtt 1620
 20 ccagcaatta ataaaacata accttttta ctgcctaaaa aaaaaaaaaa gaaaagaaaa 1680
 aaaagaaaaag aaaaaaaaaaaggg gagggagggg ag 1712

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1273Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

45 accgcccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcgaaa ggggtggcag cggcaaggca 60
 gcccagtttc gcbaaggctg tcggcgcgcc gcggcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120
 cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg cccacatgc gcccaagagg aaggtcagct 180
 cccgccaagg gcccacaagg aagagccaa gaggagatcg ggcgggttgc cagctaaacc 240
 tcctgcaaaa gtggaaagcga accaaaaaag gcagcagcga aggataaattt ttcagacaaa 300
 50 aaagtgc当地 caaaaggaa aaggggagca aagggaaaac aggccgaagt ggctaacc 360
 gaaactaaag aagacttacc tgccggaaaac gggaaacga agactgagga gagtccagcc 420
 tctgatgaaag caggagagaa agaagccaa tctgatataat aaccatataac catgtcttat 480
 cagtggtccc tgtctccctt cttgtacaat ccagagaat atttttatca actatgggt 540
 55 aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggaggaaat cccacctcat 600
 cccatttttt aagtgtaaat gctttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttgggttat 660
 tttttggtag aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

5 ggggtgcagc ttaacattcc acagatgggg ggttagttt tatatcctat aatacaaagc 780
 atattaaatg gcaatatgga gtcagtcccg catttaatgt cttaaacatt ttaaattact 840
 tctattacca tggttttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
 ggctctctct gccagaattt tgtgactct gtaacatctt tgggttagtc ctgtttcct 960
 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagattga acatgttagtg tacgtgctgt 1020
 tgagttgtga actggggc cgtatgtAAC agctgaccaa cgtgaagata ctggtaactt 1080
 atagcctt aaggaaaatt tgctccaaa ttttaagctg gaaagtcaact ggaataactt 1140
 taaaaaagaa ttacaataca tggctttta gaatttcgtt acgtatgtt agatttgtt 1200
 10 acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa 1260
 aaaaaaaaaaaa aaa 1273

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2342 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 30 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtggcgac gggggcgccg cgtgcggcac 60
 gctgcaggc tgaagcggcg gcggcggtgg ggactgcacg tagcccgccg ctcggcatgg 120
 40 ctctcctggc gtcggctcg gtgagctgtc cttctttctt ggcagtgaat ggtctgtatt 180
 cctctagtga tggatgtatc gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
 gtgatagttt gtggcttgcga gaattctatg ctccatggc tggtcaactgt caaagattaa 300
 caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgcacaaagtt ggtgcagttg 360
 atgcagataa gcatcattcc cttagagggtc agtatgggt tcagggattt cctaccattt 420
 45 agattttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtaag 480
 ccattgtaga tgctgcgtc agtgcctgc gcccacgtgt gaaggatcgc ctcggggac 540
 gaagcggagg atacagtttgc gaaaaacaag gcagaatgtc tagttcaagt aagaaggatg 600
 tgatttgcgt gacagacgac agctttgtata agaatgttctt ggacagtgtaa gatgtttgg 660
 tggttgcgtt ctatgtctt tggtgtggac actgcacaaa cctagagccca gagtggcgt 720
 50 ccgcacgttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaatgt gaaactggca gctgtggatg 780
 ctacagtcaa tcagggtctg gcctcccgat acgggattag aggatttcctt acaatcaaga 840
 tatttcagaa aggccgactt cctgtggatt atgacgggtgg gcggacaaga tccgacatcg 900
 tgcggccgc cttgtatttgc ttttctgtata acgccccacc tcctgagctg ctttgagatta 960
 tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggacacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
 55 tgcccccataat cttgtataact ggagctgcag gcagaaattt ttatctggaa gttcttctgt 1080
 agttggcaga caaataacaaa aagaaaatgt ggggggtggct gtggacagaa gctggagccc 1140
 agtctgaact tgagaccgcg ttggggatttgg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgc 1200

	tcaatgcacg	caagatgaaa	tttgctctgc	taaaaggcctc	cttcagttag	caaggcatca
	acgagtttct	cagggagctc	tcttttggc	gtggctccac	ggcacctgta	ggagggcccc1320
	cttccctac	catcgtag	agagagccct	gggacggcag	ggatggcag	cttcccgtgg1380
5	aggatgacat	tgacctcagt	gatgtggagc	tttatgactt	agggaaaagat	gagttgttag1440
	agccacaaca	gaggcttcag	accattttct	tttcttggga	gccagtggat	tttccagcal500
	gtgaagggac	attctctaca	ctcagatgac	tctaccagt	gccttttaac	caagaagtag1560
	tacttgattt	gtcattttagaa	aacactgcaa	cagtgaactt	ttgcatctca	agaaaacatt1620
	aaaaaaattct	atgaatttgtt	gtagccggtg	aattgagtcg	tattctgtca	cataatattt1680
10	tgaagaaaaac	ttggctgtcg	aaacatttt	ctctctgact	gctgctgaa	tgttcttggal740
	ggctgtttct	tatgtatggg	ttttttttaa	tgtgatccct	tcatttgaat	attaatggct1800
	ttttccattt	aagaataaaaa	tattttggac	aatgccgata	aatgtatgaa	gttagtatcc1860
	acatcataaa	ttcagagtga	tgttttagcag	taaatcaata	ttttgaagtg	atacacagat1920
	gtctttccct	cccacaaact	tttttaaaca	aaaaacaaga	cctctttct	ttagatgtgl980
15	ccacctatgc	ccaccacaac	agagattta	catggaaacc	gggctcagtg	agaactgatt2040
	tcctgccccaa	tatttgtctt	tgggctgtct	ctagtgacta	attattaagg	aatctagctg2100
	gttatacagt	tcaaggcttt	ctatgtgtt	aatgaacctc	aaaatagccg	ttaagacatg2160
	aaatacagca	gcaggttacc	aatgcgaaca	ggtagttcgc	atttatgtaa	aacattcaga2220
	aatgaagtt	ttgaatttgtt	tggAACATTC	aaaggacttg	agagcatttt	attgttaactt2280
20	aaaaaaataaa	atacaactgt	cactaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa2340
	aa					2342

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1959 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear
MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
→ sogenannte chimerische RNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

45	gcagttatat aataagtggg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60 tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca ttgtactct aatccaatca aagaagaaaat 120 gactgagttct aagttctcta agtactctga aatgagtgag gaaaaacgag ccaaacttcg 180 tgaaattttag ctcaaaggta tgaagttca ggatgaatttgaatctgggaa aagacactaa 240
50	aaaaccaggc cagagtttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300 agagaaaagag aaagagtttag aaagagaacg agaaagagac aagaaaagata aagaaaaatt 360 ggaatctcgcc tccaaagaca agaagaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420 gaagaggcgac cacagtacat ccccccagcccc atctcgcaatcggta gacgagtggaa 480 atccccatca cccaaatcgga agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagtc 540
55	acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatgtt agaaaaaaag cccaaaagatc 600 accatctqgt tcaaaqqacac ctaaaaqgtc taqqcqatca cggtcttagat ctccctaaaaa 660

atcaggaaag aagtccagat cccagtccag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
 gaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgc 780
 tttgtgcctg aacggctctgt ttttaaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
 5 gggtttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgttagatc 900
 tgtcattgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
 ttattgttct aatggatttc atcagaaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
 ttttggggta ggtatgttgc acttagcaaa aataatacag atgtctccc ccctttgtal080
 gcttgcacaa tttgaatttag atttcaaata aaatctgaac agaaaaactat aatgttgc1140
 10 ttttgcggca ccgggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagttcac actactgtg1200
 tgcttcttat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agtttataat1260
 ttactaagat gactatccaa attaaggac ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
 atttgccttt gataagttc tcttggtaa tactaatacc cagatataa agactaggta1380
 gatatggcat ggcgttttgt tagtggaaatg cctggctaaa acatttttt cacagaagca1440
 15 atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttacttttta gggggaaatt1500
 aaatatcttt tcatttcctc ttcttattatg aaagaagttt atttgtaaaaa caaatttct1560
 aacaagggtt ggccatagaa ttcttcttgc tgattgttgc cctttataa tcttctgttag1620
 gctatcttc aaacactggc atcagaataat ttttataag tttgtttta aacagcttag1680
 ttggtcccccc ccccccactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
 20 aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgtt tctaattgtt tgtaaattca aggtgcaaaal800
 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
 gaggaagaaaa taaaacttgt gtaatgttgc tcataatact gctataaaata taataaagggl920
 ttatgttagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1959

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 3708 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - 30 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

gcccattttt tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttaa cagcttataa 60
 cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actatttca agaacaataat 120
 50 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaaa ctaatgaccc 180
 ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtctttta caaacggggaa aactcccttgc 240
 gtttacagggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aattttataac aatttaccact 300
 ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360
 taattttaaa ttattggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt ttttttccc 420
 55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcctta aaaagttaag 480
 acatattctg ataatcataa cagtcacatg atttctgtatc ctatctggtc tgtaataat 540

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac agggaaactgg atataggatt 600
 tcgttgcac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtca gcactggaaa aggagatcg 660
 tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
 5 aagctaagtt gaccagggtgc ataattccc atcagtctgt cctttagta ggcaggcaa 780
 tttctgttt catgatcgga atactcaa atatccaaac atcttttaa aactttgatt 840
 tatacgctt agaaagttat gtttttaat agtcactcta ctctaattcag gcctagctt 900
 gctcatttt gaggctcact aaaataacag atttcagat agccaagttc atcagaaaga 960
 ctcaaatgg aatgattaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atcttttgt 1020
 10 agctgaaggc tatcagtcat aacacaattt cgcgatcaccc tctgctcatt atgaaattac 1080
 acttaaaacg aatctcaaga gggtgaccat tggtgttca gataccatcc ctaaggagag 1140
 tggtaaacag gaagattgcc agtgttactg atggaaagaa gtgttgc 1200
 ctgtcaaaag acttacacca tagtttaaa ttaaactgtc aggcatttc tcagacaggt 1260
 tttccttttcaatgcgttaa tgaagaacta agataaaaat catactttt gactgcact 1320
 caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
 15 tgagtcccttgggtgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt 1440
 ccctcaaaaga tgaatttgac aaatttaatg tactggaaaa aaatgaagaa gggaaaaggc 1500
 aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
 gggggcaatt tgtaagcaact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat 1620
 ataataatgg aaccttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtaacgggtc ttcctgtgtc 1680
 20 agctcaatag ctgtgtgtt ttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagctgt 1740
 tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttagca 1800
 agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccctt tggccatctc tctttcttcc 1860
 tgatcttgcgat cccccctgat tgcatcttca tccctttctt cttcatcatc ttcttttcc 1920
 ttctcttctt ccttcttctt ttctggcaga agttctaact ctggatttag ctgacagata 1980
 25 ttggaggtt ctctggggg aagctctaca ggtggatttt cccatctgct ctgggtcaat 2040
 ttgtccagct ttgcgtttaa ctccctgagg tgggtgggaa ggcatacgct actcatctat 2100
 gtttggctcg ctggcctcca tcactgactc ctggaggccg ctggctctt caataatgg 2160
 ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctgttgcgg tcctctcttgc gAACCTCTGG 2220
 atttcaaat tctttgagga attcatccaa attatgtcc tccctcttgc ttctccctt 2280
 30 tctaaggct tctggtacaa gcgggtgtaa acagcggtta aagagctca gtgtctgtt 2340
 attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaaa cagttttctt actcctcttgc tctcttcc 2400
 catcatcaat ttcttgggg cgggtccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca 2460
 ctaagttggg ctctaattgt ctgtatcc aactcttgc cactgtcaac aattagcttc 2520
 ctcttcttctt tggctttgt ttcttaaca gttatataca taggctccaa tgcaaatgt 2580
 35 tcttcctcat ttggaaacaag tgggtttga tcagtcatttgc ttggcattgg ttcaacggg 2640
 tccactgaat caggactatc aggcccaccc attgatacat tatttcatttc atccatatcg 2700
 tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
 aagataccgc catcatttactaataatgt ttgtcatcta atattccacc atcatttcct 2820
 tctccaaat tatcatccctt atattgtatc tcatattcta aatggtaat ttcttcattc 2880
 40 agattgtgg tgctgttgc agactctaatttggaggtag aagttagtagt gcttacta 2940
 atgtcgatcat cctcaaaagc actgccttctt ctcattatct cacgatcatc cattccaaa 3000
 tcacccaaat cattttcttg taaaatactg atgttccaa cttttctctt catggatatc 3060
 tcttcactc tactctgatt caagctgaac tgctggccca catcgatgtc atctaagtca 3120
 ggcagtggtt gatcaaagtc atgaaatttc tcaaggtaaag taatggcatt ataagctgt 3180
 45 tcccgatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctggccgaa aagccatctt tatcttaatg 3240
 aatgcattcat tacagtctgc aagaaggtat ttggcttcc tggatagat tcgaactact 3300
 cccagtaaga gatgtcctga tggccgtat gccatttta ctttgggtga gatgatactc 3360
 ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatggct ttggtagct tcttataccca 3420
 50 atggggcgct agccaaattt ttggccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgcgt 3480
 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgcctccgc tggagttgg 3540
 gcccggctggg tggcccgggg agggaaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggg 3600
 gcccggctggg tggcccgggg agggaaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggg 3660
 cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaaccgc ggctcttc 3708

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 3045 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 60 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

20	gtccattgcc	caaaatccgc	tatgaaaagct	tgacccaatcc	ccagtaaatt	agacctctgg	60
	gaaaagagct	gccatattac	ccataccccca	aacaaccaag	atcgaactct	cactattgtg	120
	gatactggaa	ttggaatgac	caaggctgac	ttgatcaata	accttggcac	tatcgccaaag	180
	tctgggacca	aagcgttcat	ggaagctttg	caggctggtg	cagatatctc	tatgattggc	240
	cagttcggtg	ttggttttta	ttctgcttat	ttgggtgctg	agaaagtaac	tgtgatcacc	300
25	aaacataaacg	atgatgagca	gtacgcttgg	gagtccctag	cagggggatc	attcacagtg	360
	aggacagaca	caggtaaacc	tatgggtcgt	ggaacaaaag	ttatcctaca	cctgaaagaa	420
	gaccaaactg	agtacttgg	ggaacgaaga	ataaaggaga	tttgtaagaa	acattctcag	480
	tttattggat	atcccattac	tcttttgg	gagaaggaaac	gtgataaaga	agtaagcgat	540
	gatgaggctg	aagaaaaagg	agacaaagaa	gaagaaaaag	aaaaagaaga	gaaagagtcg	600
30	gaagacaaac	ctgaaaattga	agatgttgg	tctgatgagg	aagaagaaaa	gaaggatggt	660
	gacaagaaga	agaagaagaa	gattaaggaa	aagtacatcg	atcaagaaga	gctcaacaaa	720
	acaagccca	tctggaccag	aaatcccgac	gatattacta	atgaggagta	cgaggaaattc	780
	tataagagct	tgaccaatga	ctgggaagat	cacttggcag	tgaagcattt	ttcagttgaa	840
	ggacagttgg	aattcagagc	ccttctattt	gtcccacgac	gtgctccccc	tgatctgtt	900
35	gaaaacagaa	agaaaaagaa	caatatcaa	ttgtatgtac	gcagagttt	catcatggat	960
	aactgtgagg	agctaatccc	tgaatatctg	aacttcattt	gaggggtggt	agactcgagg	1020
	gatctccctc	taaacatatac	ccgtgagatg	ttgcaacaaa	gaaaaatttt	gaaagttatc	1080
	aggaagaatt	tggtaaaaaa	atgcttagaa	ctctttactg	aactggcgg	agataaagag	1140
	aactacaaga	aattctatga	gcagttctct	aaaaacataaa	agcttggaa	acacgaagac	1200
40	tctcaaaatc	ggaagaagct	ttcagagctg	ttaaggtaact	acacatctgc	ctctggat	1260
	gagatggttt	ctctcaagga	ctactgcacc	agaatgaagg	agaaccagaa	acatatctat	1320
	tatatcacag	gtgagaccaa	ggaccaggta	gctaactca	cctttgtg	acgtcttcgg	1380
	aaacatgct	tagaagtgt	ctatatgatt	gagcccattt	atgagta	tgtccaacag	1440
	ctgaaggaat	ttgaggggaa	gacttttagt	tcagtcacca	aagaaggcct	ggaacttcca	1500
45	gaggatgaag	aagagaaaaaa	gaagcaggaa	gagaaaaaaaa	caaagttga	gaacctctgc	1560
	aaaatcatga	aagacatatt	ggagaaaaaa	gttggaaaagg	ttgttgg	aaaccgatttgc	1620
	gtgacatctc	catgctgtat	tgtcacaagc	acatatggct	ggacacaaa	catggagaga	1680
	atcatgaaag	ctcaagccct	aagagacaac	tcaacaatgg	gttacatggc	agcaaagaaa	1740
	cacctggaga	taaaccctga	ccattccatt	attgagacct	taaggcaaaa	ggcagaggct	1800
50	gataagaacg	acaagtctgt	gaaggatctg	gtcatcttgc	tttatgaaac	tgcgctctg	1860
	tcttctggct	tcaagtcttgc	agatccccag	acacatgcta	acaggatcta	caggatgatc	1920
	aaacttggtc	ttggatttgc	tgaagatgac	cctactgct	atgataccag	tgctgctgt	1980
	actgaagaaa	tgccacccct	tgaaggagat	gacgacacat	cacgcatgg	agaagtagac	2040
	taatctctgg	ctgagggatg	acttacctgt	tcaagtactt	acaattccctc	tgataatata	2100
55	ttttcaagga	tgtttttctt	tattttgg	aatattaaaa	agtctgtatg	gcatgacaac	2160
	tactttaagg	ggaagataag	atttctgtct	actaagtgtat	gctgtgatac	cttaggcact	2220
	aaagcagagc	tagtaatgct	tttgagttt	catgttgg	tatttcaca	gattgggta	2280
	acgtgcactg	taagacgtat	gtaacatgtat	gttaactttg	tgtgtctaa	agtgtttagc	2340
	tgtcaaqccg	gatgcctaag	tagaccaa	cttggatatt	aagtgttctg	agctgtatct	2400

5 tgatgttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta cttttgaac ttttcattcc2460
 ctgtagttga caattctgc a tgtactagtc ctctagaaat agttaaact gaagcaactt2520
 gatggaaagg tctctccaca gggcttgtt tccaaagaaa agtattgtt ggaggagcaa2580
 agttaaaagc ctacctaagc atatcgaaa gctgttcaaa aataactcg acccagtctt2640
 gtggatggaa atgttagtgc cgagtcacat tctgcttaaa gttgtacaa atacagatga2700
 gttaaaagat attgtgtgac agtgcattt ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
 gttagtgcca aatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggtaaaca cttagctgctc2820
 caagggttga catggtcttc ccagcatgt a ctcagcagg gtgggggtgga gcacatgttag2880
 10 gcacagaaaa caggaatgca gacaacatgc atcccctgc tccatgagg atatgtgttc2940
 tcttagtgtc cacgttgtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgt 3000
 acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 3045

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2815 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

40 cagtgccgc gcaaccagcc ttcttagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgg 60
 gcaagtacaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
 aatgatacag gacacacaat ggggtatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
 ccaggaattc tgggacctcc acctccctca tttcatctt ggggaccacg agttggacca 240
 agaggaaatc tgggtgttgg aaatggaaac ctgcaaggac cttagacacat gcagaaaggc 300
 agagtggaaa ctagcagatg tttcacatc atggatttc aacggggaa aaacttgaga 360
 taccagctat tacagctgtt agaaccatgg gtagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
 aaaattaatg aggcatatggca accacagagg atgctcaggc cgcaagtggat 480
 45 tattacacaa ccacaccaggc gttatgttgg ggcaggcagg tgagagtca tttatcccag 540
 aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagttga tcaaaagcaa 600
 gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttggccgatt ctggcttattc tgatagtgtc 660
 gttctcaagc ttgtctggcc ttatggaaa aaaaagaatt acatattgtt gaggatggaa 720
 agtcaggctt ttatggatgg gtagacaaga gaagatgcaa tggcaatgg tgaccattgt 780
 50 ttgaaaaaaag cccttgggt tcaggggaga tggatgttgg ttgacctgtc tgagaaatat 840
 aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaca ggcattgtt tactgaaaaa agataaaatcc 900
 cggaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
 gatggttccc agaagactga gatgttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccgggtg1020
 aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaattt atgcttcttg1080
 55 aatctgaaga tgagctactt gtatgttgg aagaagcaggc agcactgtca gaaagtggca1140
 gtcagtggg agacgagacc gatcttgcattt attaggtga tggatgttgc gatggaaa1200

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55

aggaaaccatc agataaaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
agctaaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaa1320
atggaattaa aatgaggaa aacacagaac caggtgtga atcttctgag aacgctgatg1380
atcccaacaa agataacaatg gaaaacgcag atggtaaag tgatgagaac aaggacgact1440
atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggatag1500
actatgtat acctaaaaca gggtttact gtaagctgtg ttactctt tatacaaatg1560
aagaagttgc aaagaataact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
atttaatgtat ttcaaaagaaa ataatggttc ttgttttta atgttaacct tttttaata1740
caatactgat agttagaaga aaactattgt actctttgt ttttagtgagaa aataataga1800
tgtctgttca tgtgttaagt gtatagcaa aaaaaataca catatggta agttaatga1860
tagttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgttagagat tgacttccta1920
agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgtaa gaaccattt gaaaaatgaal1980
attttagtagt tccaagttc aaagaaatgt caacattta ttccattcaa taaagaacaa2040
aaccaatagt gtttttatta ct当地atctg aaacattcca tggtaatc tgagccttgc2100
agactttcat ttggagttt aaccgtttt ggtgcattt catttttggaa gaacttaatt2160
aacgtgagat tggcaatgtt aatgcagggtg cagtttctg ttaatgtcat gctgtgttt2220
aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aatttttttcc cctgagttcc2280
tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcaatgtt aatgcaaaa atattccat2340
tatcttgac cagttttat ttttgagatc ttactgtttc tcacttgaat cccgtgattg2400
tcatacatct ctgttataag caacattgtt ttttgaatgt gttagacca tctcttcata2460
ttttcaagat gtaattttac atttctgttcat tttttaaaaca gtttggccat aatcctagat2520
gcacgcttct aattcatgtt cctgcacatgt tgacctttgtt gaacagaaaa ttgcatgtat2580
aattttgttt tacttgcatac tttctggta tataactgtttt atatctgtgg attcaagtt2640
ctgaagtgaa taccaataaa aagaaaaaccctt taggccccatgtt taattggta tacatgtttg2700
gaatgttaac caaaaaaaaaa aacagttgtt gtttttattt gctcttaaac ttttgtcatg2760
ctttaacaat ttatcgctt taaatctaga gtgaatttcctt aaagagctgc cgcta 2815

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

ctggatcgta caagaaggaa gacaaggacc actgacaaga taaggccatg cagggaaacga 60
agccggctt tccgctatct gcccgttgc caccggaaac gagttgcac acggcagggtt 120
cccccggaa agaagcgacc aaagcgctg aggaccggca acatggcgc gtcggggat 180

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca ttagtaactc cattcctgg 240
 atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tggatgtaca ggcacagg 300
 tttgctgaga acaaggatga gattgctta gcctgttg gtacagatgg cactgacaat 360
 ccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
 5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatcoaac cagttctca acaggctgac 480
 ttcctggatg cactaatcg gaggatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
 tttgagaaga ggcattattga aatattcaact gacctcagca gccgattcag caaaagt 600
 ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgct 660
 ttctcacttg gcaaggaaga tggaaagtggg gacagaggag atggcccct tcgcttaggt 720
 10 ggccatgggc ttcccttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
 atagtaaaaa tggtgatgat atctttgaa ggtgaagatg ggttgatgaa aatttattca 840
 ttcagtgaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
 tggccctgcc gactgaccat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
 attctacagg agagacttaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaaa1020
 15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaatgatg atgatgaaac tgaagttt 1080
 aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgata tagttcctt ctctaaagt 1140
 gatgaggaac aaatgaaata taaatcgag gggaaatgtct tctctgtttt gggat 1200
 aaatcttctc aggttcagag aagattctc atggaaatc aagttctaaa ggtctttgca 1260
 gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttccccc tgattcatgc ttggatgac 1320
 20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgtc tatgacaaaa gagctaattc tcaagtccgc 1380
 gtggctttc ctcataatcaa gcataactat gagtgtttt tagtgc gctgccttc 1440
 atggaaagact tgcggcaata catgtttca tccttgaaaa acagtaaaaa atatgctccc 1500
 accgaggcac agttgaatgc tggatgtgtc ttgatttact ccatgagctt ggcaaaaga 1560
 gatgagaaaga cagacacccct tgaagacttg ttccaacca ccaaaaatccc aaatccctcga 1620
 25 tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccggga gccttaccc 1680
 ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatccctccg ctgaggtgac aacgaaaat 1740
 cagattcctc tctctaaaat aaagaccctt ttccctctga ttgaagccaa gaaaaaggat 1800
 caagtgactg ctcaggaat tttccaagac aaccatgaaat atggacctac agctaaaaaa 1860
 ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggca 1920
 30 acctctgttg gaagtgtgaa tcctgctgaa aacttcctgt ttctagtgaa acagaagaag 1980
 gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataattcaca tcgaacagg tttggataact 2040
 aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gageccttcg ggaagaagcc 2100
 attaagttt cagaagagca ggccttaac aacttcctga aagcccttca agagaaatg 2160
 gaaattaaac attaaatca ttcttgggaa attgttgtcc aggtatggaa tactctgatc 2220
 35 accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaa gtttctggcc 2280
 cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgttgg aagaagg 2340
 gatttattgg acatgatata ggtcggttat gttatggaa tctaagagag ctgcattcgc 2400
 tgtgtatgtc ggagttctaa caaaacaatg tggatgcggc cattcaagg gagccaaat 2460
 ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcgatcatc taattctctg ttgaatgaat 2520
 40 acacacat atattacaag ggataattt gacccatatac aagtttataa agagtcat 2580
 ttatcttg gttggatgtat tattttctt gttatggat tttatgtt atattacata 2640
 catgcttga agttcttggaa aagtagatct tttcttgacc tagtataatca gtgacatgt 2700
 cagcccttgt gatgtgatca gttctcatg ttgaaccatg gatgtttat tttatgtt 2760
 cttaaccctt tccagatgtcc tccttgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttgtt 2820
 45 gagcaagcag tagcatgtc ttccctccaa caagcagctg gtttagaaaa accatggta 2880
 aggacggact cacttctt tttatgttgc gcttcttagt taccacatc ctctgcctct 2940
 gatataggt gttttttt aagtgggggtt ggaaggggag cacaattttc cttcataactc 3000
 ctttaagca gtgagttatg gttgtgttat catgaagaaa agacctttt gccaatctc 3060
 tgcctatatac gtgaacctt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtatgtt 3120
 50 ttatatactact tcactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaagg 3180
 aaacacttag gtaactttt ggtctttccc atttctacat aagtcatgtt tcatcttgc 3240
 ggtatggatgtc tccttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctt tttttcttg 3300
 tcctcattct tgccttgatc tccagttctt ctttggttca cagacttctt ggtacccatg 3360
 cacctctgtc ttcaagcaccc tcataagtcg tcactaatac acagtttgc acatgtaaaca 3420
 55 ttaaaggcat aaatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 60 (A) LÄNGE: 668 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

20 ataggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atcttgcca 60
gtacaggagc tcgtgcgtg gcccacagcc cacagccac accatgggc tggaccta120
cggtgaagat gctggcgggc aacaaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttccag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtgtg gcgcgtcagg acagggtccc cttgcgcagc caggcctgg300
25 gccccggcag cacggtcctg ctgtgtgtgg acaaatacgca cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gcccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagccctga540
30 gcaccgtgtt catgaatctg cgctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
aaggccctcc accagcatcc gagcaggatc aaggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
gaaaaaaaaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

5 ggaaaccggc ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttggct tccttcgtta 60
 ttggagccag gcctacaccc cagaaccat gtccaaggga cctgcagttt gtattgatct120
 tggcaccacc tactcttg tgggtttt ccagcacgga aaagtgcaga taattgcaa180
 tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtcgcctt acggacactg aacggttcat240
 cggtgatgcc gcaaagaatc aagttcaat gaaccccacc aacacagttt ttgatgcaa300
 10 acgtctgatt ggacgcagat ttgtatgtgc tgggtccag tctgatatga aacatggcc360
 ctttatggtg gtgaatgtg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac420
 caaaagcttc tatccagagg aggtgtttt tatggttctg aaaaagatga aggaattgc480
 agaaggctac cttggaaaga ctgttaccaa tgcttgggt cacagtgcac gcttacttta540
 atgactctca gctcagget accaaaagat gctggagact attgatggtc tgcaatgtac600
 15 tttaggaatt attaatgga gccaactttg tgccctgtaa tttcttacg ggtttggca660
 aaaaaagggtt t 671

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

45 agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
 ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggtt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
 agtcgcccaca ctttgcctt tgcgcgcgc accctgtcgc cacttctgt tcggacgtcc 180
 ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgtttaga cttctttggg aatggggcac 240
 cagttacta caagacaggc aatctataacc tgcgggggccc cctgaagaag tccaatgcac 300
 cgcttgtcaa tgcgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgcccgc gccttcctga 360
 tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtc 420
 cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
 50 gagaagagga gtgcatttgc aacaagggtgg aggccgtcggt gttggatgaa cttgacatgg 540
 agcttagcctt cctgaccatt gctgtcatgg aagagttga ggacatggag agaagtctgc 600
 cactatgcct gcagctctac gccccagggc tgcgcgcaga cactatcatg gagtgtgcac 660
 tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccc gggacagat gctctccagc 720
 caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatggaa acccttgaa gatcagaccc 780
 55 agtccttac cttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcct 840

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaaggcga gtggaaaccc ggctgcctgc cttttttct gatccagacc ctcggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atggtgctaa agtaaaaacta gtttaataag1080
5 cccaaaaaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgcggg gtgcctcaca gcacgctgcc acgcccacgc agaccctct 60
ctgcacgcca gccccccgc acccaccatg gccacagtgc agcagctgga aggaagatgg120
cgcctgtgg acagcaaagg ctttgcataa tacatgaagg agcttaggat gggaaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggcacaaagg gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac240
35 ctcaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacacg tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaaa ctttacagat360
ggtcattgg ttcatcgatca ggatgtggat gggaaaggaaa gcacaataaac aagaaaattg420
aaagatggga aattatgtgtt ggatgtgtc atgaaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
40 gaaaaatgtt aataaaaaattt ccatcatcac ttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
aagctcgtt caatgagcaa atctccatatac tgtttcttgc ttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc ttatcataa acatttaca tgcatgtt cttttttttt cattactgtg660
tagatcatc ctttggta ataaataaaat gtgttgtgc taaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaagc tcgtgtaaacg gcggcggtgt 60
cggcagctgc tggtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtagcag120
cctaccaaga gccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcgtg180
gaagggtttt gtaaaaatgtt tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct240
atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc300
20 ctggtttacc gagctgatacc ctagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaataatt gtgttggaaag420
caactgggggg gttgggggtgg gcttggaaaca caggtgtgtt cagcgtgtg tagtggaaagt480
tttgtatcat agtaatcctt tttccacttt gttataactt agccaagatt gactgtattaa540
25 gatgaaatgt gaggatctt ttcaatcgga aacccccgtt acctcctttttcttc600
tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgtatgatt tagatggaaat ttgttcttcg660
tcacttaatg ttgggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
taacccttct tcaagatggg gtgggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 498 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
40 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

5 gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgacg gtggcgttc cttgaggaag agtgagggtt 60
ccaaaccttc tgcttatctg ggaggtgttgcgcgcgaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggta gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccgat180
agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tggaggata attgggatga240
tgacaatgtt gaggatgact tctctaattca gttacgact gaactagaga aacatggta300
taagatggag acttcatacg atccagaaga agtgttgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttgg atttatttgt gttttgtaa cacaaaaaat aaatgtttt atataaaaag480
10 gaaagagaaa aattgcgg 498

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1077 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

40 cggttacaaca gggcacacgt gtttacgtt gacaggtttgcgttggacgc 60
tagtaaccat gggcttgcgtt acttagccaa agaagagtttta agaagaaaaat acacacaagt 120
atacagactg ttccatgttt cttagactt tctgcattt ggataaaata aatgcattt 180
tgctcttcat ttaggatgtt ttcattgttct ttaagatgtt ttaggaatgtt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcaacttgcgtt ggaatcacat tcttagcaca cctacacccctt ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaatttggaa gtgatttgcgtt tcctaaaatgtt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgttattt agaatggat cacggggaaa agagaaggaa agtgatttttt ttccacaaga 420
tctgtatgt tattttccact tataaaggaa ataaaaatgtt aaaaacattt tttggatatc 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcaacttctt tctaagcaaa attgttcaatggc agagatgtt 540
cacattataa agtaatcttt ggctgttcaagg cattttccatc ttcccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaatgtt gtaaaacatgtt ctgggttcaacc aggggtgttgc atgggttataa gggaggaaataa 660
tagaatggaa gactgttcaactt tcctttgttgc cacaataga gtttggaaaaa agcctgttgc 720
aggtgttcc ttgttactt gtttcaatggaa agtattccaga gatactacaa tattaaacata 780
50 agaaaaagatt atatattttt tctgttcaactt gatgttccatc gtcaaattttt gttttttttt 840
tcttttgcgtt tattttatgtt tattttatgtt tgacagtgttcaactt cattttttttt ttacatgtt 900
aacaagaaaa gttgttcaactt atatgttcaactt aaaaatgttcaactt tttttttttt tagaaataaa 960
tgatcccatt tttttttttt gtttggaaaaa aaaaatgttcaactt tgagattttt tttttttttt tttttttttt 1020
tttctaaata agagattttttt tacctgttccatc ctacaacgtt gactactttt 1077

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25 cgccaggcgtt cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
ggaatcttc ctgggtatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaaa tccatctgtc 120
aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctatgtacat cttggcatc aaaagccaa 180
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttcttgtg 240
30 aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
gacggatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
tcgatccctc tcttgattaa tcatacttcaa gctgaaagta ttgttgtca tacttacgca 420
gctcatgctc ttgaacggct cttaactatg cgagggccta acaatgccac tctcttaca 480
gctgcagaaa tgcaccgtt tggtttagatt ctgctaaca acctttcaaa agcttcaca 540
35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatataatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
tgtttatcca taagaataaac ttgcaagct aaccctgctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780
40 gctttttt tggtgtttac tgaatctta caaaatgtatg tgcagaatttattccatac 840
gtcttcaag ttagtgcattt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcttat 900
atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgtttggg aaagaacagg aaatattct 960
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcgggtt caaacacaaat agcaagtgc 1020
45 gcagctgaca aaattcctgg gttacttaggt gtcttccaga agctgattgc atccaaagca 1080
aatgaccacc aaggtttta tcttctaaac agtataatag accacatgcc tcctgaatca 1140
gttgcaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgttattcc agagacttca gaattccaa 1200
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc ttatatttatt ttttatttgcattt aaaaatatggg 1260
50 gcacttagcac tacaagaaat atttgcattt atacaaccaaa aatgttttgg aatgggtttg 1320
aaaaaaatata ttatccatgtt aattcagaag gtatctggaa atgttagagaa aaagatctgt 1380
gcgggtggca taaccaaatt actaacagaa tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1440
aaactgtgga ctccatttattt acagtctttt aatgttctttt ttgttgttacc cgaagatgtat 1500
accattcctg atgacqaaaca ttttatttgcattt atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
ttctcacagt tggcatttgc tggaaaaaaa gagcatgatc ctgttaggtca aatgggtgaat 1620
aaccacaaaa ttccacctggc acagtcaattt cacaaggatgtt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
55 gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatggggag ggcaaaagg 1740
tagtagtagt tctgg 1755

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

25 gttcgccgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
cggaccgggt gccccaggct cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctccggcg 120
acgcctcccg cgagtcccg gcccctcccg cgcccccttt ctcggcgcgc ggcagatgg 180
gcgcggccgc aggtcctcgc ttccggctt ctgcttgcgc cggcgcacggc gactttgcc 240
gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtaaat 300
15 aataatcgta aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
ctggctgcca aatgttttgtt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaaact tgggagaaga 420
gcaaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgtatgag 480
40 agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac acgcacccca tgtgctgggt tgcgttgc 540
gctggggtca gaagaacacaa caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatac aactggatcc aaaattttatc 720
acgagtattt tttatgtatc taatgttatac actattgtatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
aaaactcaga atgatgttgc catagtctgtat gtggcttatt atttgaaaaa agatgtaaa 840
50 ggtgaatcct tgggttgcattc taagaaaaatg gacctgacag taaatggggaa acaactggat 900
ctggatctg gtcaaaactt aattttat gttgatggaa aagcacctga attctcaatg 960
cagggtctaa aagctgggtt tattgtgtt attgtgttgc tgggtatgc agttgttgct 1020
ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaatgtatgc aaggctgag 1080
ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcata aactatataa ttgaagatt 1140
atagaagaag gggaaatagca aatggacaca aattacaaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45 catcttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat attgtatataa gtgaaacctg 1260
tactcaaaat ataagcagct tggaaactggc ttaccatc tggaaatttt accacaatgt 1320
tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttggc ctccatcggtt aaaattttat 1380
atgtgttaaca ttcaaatgtt tgcattaaat atgcttccac agttaaaatct gaaaaactg 1440
55 tttgtgattt aaagctgcct ttcttatttac ttgagtttg tacatacata ctttttatg 1500
agctatgaaa taaaacattt taaaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5
(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10
(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20
(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25
(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

30
(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

40
gcgcggatt atcggtaaga catctcgac cggtctcgaa accggtag cgttgcagc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagctt ttcactattt 120
gacaaggatg gtatggAAC tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatcttt 180
ggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagttaga tgctgtatgg 240
aatggcacaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaaggggct 360
atatgatgc tgcagaacct cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagttga taaaatgatc agggaaagcag atattgatgg tgatggtaa gtaaactatg 480
aagagttgt acaaattatgt acagcaaagt gaagacccctt tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgtttatcc gcctttctt tgttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
cccttatctt actgtcatgt tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720
gttgcatgtg gcttactctg gggaaatatc taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
gagtttgtca aatgaggaa catctgggtt atgcctttt taaagtagtt ttcttttagga 840
actgtcagca ttgttgtgtt gaagtgtggaa gttgtactc tgctggact atggacagtc 900
aacaatatgt actaaaaatgt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
cactatcccc ttgtactgtt ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttattt gttacttgct 1020
ttttaaactt gtttagccca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080
45
tccaagttgt atatttgtt tccaataaaaa aaattacaat ttacccaaaaaaa aaa 1133

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

50
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 791 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

15 gccgcccccg cgagacccggc gagaggcggc ggcccggagcg gcgggtatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
tttgcttcag ggttcatcc aggatcgagc agggcgaatg gggggggagg cacccgagct180
ggccctggac ccgggtgcctc aggatgcgtc cacaagaag ctgagcgaagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaaacatgga gctgcagagg atgattgccc ccgtggacac300
agactcccccc cgagaggctt ttttccgagt ggcagctgac atgtttctg acggcaactt360
20 caactggggc cgggttgcg ccctttcta ctttgcacg aaactgggtgc tcaaggccct420
gtgcacccaag gtgcggaaac tgatcagaac catcatggc tgacattgg acttcctccg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaaagacca ggggtggg gacggccctcc ttcctactt540
tggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgcggcg ggagtgcctca ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tgactgtgt ttttctcca660
25 taaattatgg cattttctg ggaggggtgg ggattgggg acatgggcat ttttcttact720
ttttaatta ttgggggtg tggaaagag tggcttgag gggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttcccttc ctgggtctgc ttgcctggg 60
aactctggca cttggctg tggaaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
gtgtccagg aagaagagat gttgtcctga cacttgtgc atcaaatgcc tggatcctgt240
tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tggaaagtgc ccagtgaactt atggccaatg300
5 tttgatgctt aaccccccatttctgtga gatggatggc cagtgcaga gtgacttgaa360
gtgttgcatttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttccct gtgaaagctt gattcctgcc420
atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgggtccag gtcccttcca ccctgagact480
tggctccacc actgatatacc tccttgggg aaaggcttgg cacacagcag gcttcaaga540
agtgcagttt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tcttgcaaa aaaaaaaaaa 599

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
20 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

ggccccgcgg ctcggcgta ggagggcggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgccggaaacc 60
cgagcaggac tctccagttcc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120
atctttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtAACAGGT ggggctggct180
acattggcag ccacacgggtg ctggagctgc tggaggctgg ctacttgccct gtggtcatcg240
ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
40 aggagctgac aggccgctct gtggagtttgg agagatgga cattttggac cagggagccc360
tacagcgctt cttcaaaaaag tacagttta tggcggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
ccgtgggcga gtcgggtcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
tccagttctt ggagatcatg aaggcccacg gggtaagaa cctgggttgc agcagctcag540
45 ccactgtgtt cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacgggtg600
ggatgttaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca catttgcct 60
20 agataaaagat gcacttagag atgaatatga tgatctcta gattgaatg cagtacaaat120
ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatcaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctcccttca cagactgtcc ggagtcttg ggttgattc actgtctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga ttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttt tttgtaatgt ctatgtgggc ttcatcatcc480
tgaaaagaag gagacagggaa ttttttaaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttcttc540
cttcctttt tccttcttc ctttcttctt tctttttaaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttgc ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaaa catcaaggaa660
30 ctcctgtgtc acatactgtt tttttttttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
ggaggtgggg gtacacatca atttgagtttgc ttcaaggctac tgaacacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttgg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttgggaatt ggggtgtggga 860

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

5	cggggctcgc	ccagcctggt	ccggggagag	gactggctgg	gcaggggcgc	cgtttttttttt	60
	cgggagaggc	ggggccggcg	gggctggag	tatggggc	tcggagccac	cgccccggcg	120
	gcgcggcag	cacccctcg	ccagcagccg	tccggagcca	gcacaacggc	ggaaaatggc	180
	agacaattt	tcgttccatg	atgcgttatac	tgggtctgg	aacccaaacc	ctcaaggatg	240
	gcctggcgca	tgggggaacc	agcctgctgg	ggcagggggc	tacccagggg	cttcctatcc	300
10	tggggcctac	cccgggcagg	caccccccagg	ggcttatcc	ggacaggcac	ctccaggcg	360
	ctaccctgga	gcacactggag	cttatcccg	agcacctgca	cctggagtct	acccagggcc	420
	acccagcgcc	cctggggcct	acccatcttc	tggacagagca	agtgccaccg	gagcctaccc	480
	tgccactggc	ccctatggcg	ccccctgctgg	gccactgatt	gtgccttata	acctgccttt	540
	gcctggggga	gtgggcctc	gcatgctgat	aacaattctg	ggcacggta	agcccaatgc	600
15	aaacagaatt	gttttagatt	tccaaagagg	aatgtatgtt	gccttccact	ttaacccacg	660
	cttcaatgag	aacaacagga	gagtcatgtt	ttgcaataca	aagctggata	ataactgggg	720
	aagggaaagaa	agacagtcgg	ttttcccatt	tggaaagtggg	aaaccattca	aaatacaagt	780
	actgggtqaa	cctgaccact	tcaagggtgc	agtgaatgat	gctcaactgt	tgcagtacaa	840
	tcatcggtt	aaaaaactca	atgaaatcag	caaactggga	atttctggtg	acatagacct	900
20	caccagtgt	tcatatacca	tgtatataatc	tggaaaggggc	agattaaaaa	aaaaaaaaaga	960
	atctaaacct	tacatgtgta	aagggttcat	gttcactgtg	agtggaaaatt	tttacatccatca	1020
	tcaatatccc	tcttgtaagt	catctactta	ataaaatatta	cagtggaaaaa	aaaaaaaaaaa	1080
	aaaaaaaaaa	gtcgaaaaag	gagggggaaag	gagagagagg	gaagaagaga	gaggagaagg	1140
	aggggggggg	tgggt					1155

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50    aaaaatattt gctggaaatt gctgtgttagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
      attc ttct tatcaaagaa ataaccaga ctaatcttg aatgatacga ttatgcccaal20
      tattaagttaa aaaatataag aaaaggttat ctaaatataga tcttaggcaa aataccagct180
      gatgaaggca tctgatgcct tcatactgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca240
      cttttgttg ggcaatatga aattttaaa ggagtagaaat accaaatgtat agaaaacagac300
55    tgccctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttcttaatttgc tggttcctta360

```

atttgattaa tttaattcat gtattatgt taaatcttag gcagatgagc ttacaagtat 420
 taaaataatt actaattaat cacaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaca 480
 ttctaattaa aggcttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

30 ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
 gccgcttcca ataggcgttc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
 cgcggtctg aacgcgtga gggccgttga gtgtcgccagg cggcgaggggc gcgagtgagg 180
 agcagaccca ggcatcgccg gcccagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
 ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gaccctcccg gagcgtcggc acctgaacgc 300
 gagggcgttcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttccgc acctgatcgc gagacccaa 360
 35 cggcttgtgg cgtcgccctgc gcgctctggc tgagctggcc atggcgcagt gtgcgggctg 420
 aggccggagcg ggcgtttctc gccctgtgtt gatcgctgtct cctctctggg gtccctggcg 480
 ccgaccgaga acgcagcatc cacgacttct gcctgggtgc gaaggtgggt ggcagatgcc 540
 gggccatccat gccttaggtgg tggtaaatg tcactgacgg atccctggccag ctgttgtgt 600
 atggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
 40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagccgatt 720
 cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
 actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcactggcc ttgccgtgca tcctttccac 840
 gctggtaactt tgacgtggag aggaactctt gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
 45 gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgcgtctt cgcacgcagg 960
 agaatcctcc cctccccctt ggctcaaagg tgggtgttctt ggcggggctg ttctgtatgg 1020
 tggatcctt ctccctggga gcctccatgg tctacctgtt ccgggtggca cggaggaacc 1080
 aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtaagaa 1140
 acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaaggggag gggagactat 1200
 gtgtgagctt ttttaataa gagggattga ctcggatttg agtgtatcatt agggctgagg 1260
 50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgtc tcctggctg gcaggatgg gtttgccttg 1320
 gaaatcctt aggaggctcc tcctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
 ttccctcgctg atcgattttt ttcctccagg tagagtttc ttgcgttatg ttgaattcca 1440
 ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgtatgt tggaaatcggt tctttgttt gtctgatata 1500
 tggttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa 1560
 55 tgtacaagtt taataaaaaag gggccttccc cttagata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1620
 aaaaaaaaaa 1628

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcattcagg 60
actggctta tctccgtact cacggtgcaa aggtgcactc tgcaacggtt aagtccgtcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gcccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgccga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
30 cgtcctggc tggctggccg tcatactgtg ctgcgcgtg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcatcggc agcaacattg tcaccccgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgccag agcaccggcc agatgcagtg caagggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcggccc ggcgcctcgatcatcatcaggc atcatcgtgg ctgctctggg480
35 cgtgctgctg tccgtgggtgg ggggcaaggt gtaacaaaact tgccctggagg attaaaagcg540
ccaaggcgaat gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaatt600
gggtg 605

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: II^+

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

10 aggggggcgg acagacacag actatgcaga tgggagtcaa gacaaagtag tagaagtagc 60
agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggttatgagg tagaggaaga 120
ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
gagaggtgtc ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgttgtt 240
actttatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattcttta cgccgtatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaacct tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
cagcagccag taccctgtat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
aacatgccc tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
ataagaaggc agtttatccag catttccagg agaaagtgg atctttggaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaaagcc atgctcaatg 660
accgcgcggc cctggccctg gagaactaca tcaccgcctt gcaggctgtt cctcctcgcc 720
ctcgtcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgc tggatggatcc caagaaagcc gctcagatcc 840
25 ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga ttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgtat gagctgcttc 960
agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccacat gattatgtaa ccaaggatca 1020
gttacggaaa cgatgctctc atgccccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc 1080
ttccctgtaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg 1140
actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaa ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccc 1200
30 accgaggact gaccactgca ccaggttctg gttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
ctgaagtgaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaa 1320
aattgggttt ctttgcagaa gatgtgggtt caaaacaaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
tggccgtgt tgcatacgac acagtgtatcg tcacccacattt ggttatgtc aagaagaaac 1440
45 agtacacatc cattcatcat ggtgtgttgg aggttgcgc cgctgtcacc ccagaggagc 1500
gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
agatgcagaa cttagcccccc gccacacggc cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
tcactaccca tcgggtgtcca tttatagaat aatgtggaa gaaacaaacc cgtttatgal 1680
tttactcatt atcgcctttt gacagctgtg ctgtacaca agtagatgcc tgaacttga 1740
40 ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttgtctc tataactacat 1800
tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactatgt catgaatagal 1860
ttctctcctg attatttatac acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggtt 1920
gtgacccaat taagtccctac tttacatatg cttaagaat cgatggggga tgcttcatgt 1980
50 gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt 2040
ttaaaagttaa acattttaa gtatttcaga tgcttttagag agatttttt tccatgactg 2100
catttactg tacagattgc tgcttctgtc atatttgcata tataatgtaa aagaggatac 2160
acacgtttgt ttcttcgtgc ctgtttatg tgcacacatt aggcatgag acttcaagct 2220
tttctttttt tgcacatgtc tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattq 2280
taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgtc ggtctcaat taccagaat 2340
tctccaaaac aattttctgc aggatgattt tacagaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
55 ttctacactg tattacataa ataaataaa taaaataacc cggggcaaga ctttcttg 2460
aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
caattttctt taaccagttt gaaatgttcat ttatgatataa aaaaagatg aaaatggaa 2580
tggcaatata agggatgag gaaggcatgc ctggacaaac cttctttta agatgtgtct 2640
tcaattttgtt taaaatgggtt tttcatgtt aataatataa ttcttgagg agccaaaaaa 2700
aactatatta ctggcaggatc tataatatgg c 2731

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25 cggaaagggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggccccg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
agaaaaacatg aaacagaccc tacaggcgc tctgaagaac ccccttatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaaag gtgctcatct cttaataagc 240
taatgtatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaataatgaa 300
gtatattttat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcataaaaag gcacttgcgtc ctggaggagt agggtccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420
aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtgggg attgctggta 480
caaagaccaa aacaacccaa tgcoaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaaaatt acatatcagt tgtcctttaa 600
tgaaaatttg gataatataag aagaaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata attacattc aagtttaatt 720
gtgcaacttt taacccctgt tggctggttt tttgttctgt tttgttttgtt attattttta 780
actaaatactg agagattttg tcagaatttg aggccagtt cctagctcat tgctagtcag 840
40 gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
atattccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaaat aagtgggtggg tgaataaccac 960
tgccaagttt tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgt ggttaagta1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcctccaa tttatttgcgt gtcacccagg1080
45 gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgg1140
gcatgaacat caaacttttgc ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaaa ctgcaaatca1200
gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatggtta atttaaactc tggcagcct1260
ctgaatgaaa tgctactttc ttttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggta1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaat gtcttcagtg ttcttcaggg1380
tagttggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
50 tcagttttt ctaaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaca1500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggc gcttataaaa agtataaat atcgagtagc1560
tctaaaaacaa accacctgac caagaggaa gtgagctgt gcttagtatt tacattggat1620
gccagtttg taatcactga cttatgtca aactggtgca gaaattctat aaactcttg1680
ctgttttgc tacctgctt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaat gataaaactt1740
55 cagaaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
attcgactt gg 1812

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgctca 60
ggctcgttagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgcc gccaagaagl120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
gcaaggagag ctactccgtta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctccctc taaggccatg ggaatcatga actcctcgt caacgacatc ttcaaacgca300
tcgcgggtga ggctcccgcc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggc当地agcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtagacca ggc当地taagta aacttgccaa ggagggactt480
tctcttggatat ttccctgat gaccaagaaaa gcttcttatac aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgc ttc当地tccatc ttccaaagag aatcattttac660
aagtttattt ctgtctccctt ggtccatcc ttctcttata taatcatttta ctgttcctca720
aagaattgtc tacattaccc attcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtacccccact ggggggttgg ggtatattc tgtggctcctc agccctgtac cttataaaat840
ttgtatgcct tttctctta aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

15 ggcacgagat gtgaaaagg tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
accttagt aagttagt atttgagt cttgatgcag taacttata tagtgcatt 120
gcacctggac cagatccatt ttcaacttatt ggagagagca cgatttattt tggtgacaat 180
tcagtggtt gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtggta aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaatggaa aacagatatac aggatttggaa aaaaaatttt actacaaagc aacaggatag 300
tttgaatgcg ataagggtt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atcccccaagt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
tctccacgcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatatac ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tgatgtttt ggtcattgct 540
gtgattgtt tgcctatgt tggtggagtt gcagtaattt gtgttgccc gtacagatat 600
cttcaaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtgag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaaac ctggttgcc 720
agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgtt attctgtat ttcactctca 780
tgagtcaac tggccttag ctaatattgc aatgtgcctt gaatgttaggt agcatccctt 840
gatgcttctt taaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
taacacttag atttatttggg ccagtcagca cagcatgcct ggtgttatta aagcaggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatata gagaatata gttcacaatag aaattatatt 1020
ttcttgtaa agaaaggc ttgaaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa 1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat ttatataatc gtcattgtt aaaaaggccctt 1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttgc tgcataaaaa caagaacact gaaaattgg 1200
aatatgcaca aacttggctt cttaaccaa gaatattatt gaaaattctt ctaaaagtt 1260
35 ataggtaaa ttctctattt tttgtatgt gttcggtat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
atgtgtggca ttgttttca cttttaaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
ttcagaatca gatgcatttctt ctcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
tgccacttca tggtgcgaag tgaacactgt agtctgtt tttcccaaa gagaactccg 1500
tatgttctct taggttgagt aaccactt gaattctgt tacatgtgtt ttctctccc 1560
40 tccttaaata aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtggtt tgaagagaat 1620
aaattccatca gataacctca agtacacatga gaatcttagt ccatttacat tgcctggct 1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcattctcta aaaggcagag tacaagtaa 1740
gcccatttca tcaggaaggt aacttcattt tgtctatgtt ctgttattt taccaaggga 1800
tggagaaggt aaatatagtc caggtacac tttatactca ggcagatctc agccctctac 1860
45 tgagccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccac aggcggaaaag caggactgc 1920
cactgcattt catatcacac tggtaaaatgt tgggtttga aattttatgt ttagttgcac 1980
aaattggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgt tggaaaatca agagtgtaga 2040
agaataaaata ctgtttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttccctt 2100
cctttgtatgt ctctggcaag atgttttagg aagataaaag ttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacacat ttgaaatgtt tacccttttca acatgtttt caagaatgtc 2220
gcaattacta agaaggcagat aatgggtttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatataact tgtagtacgt tttctgttc 2340
acatttgatt ttttcaattttaatattat attagagatc tatatatgtt taaatatgtt 2400
ttttgtcaaa ttgttactt aaatataatag agaccatgtt tctctggaaat tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatataat tcaagaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
tgagaagtct cactgatata ggttctttat tgctcatat ttaaaaaatg gactcttggaa 2580
atctgttaaa ataaaatgtt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 976 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 5 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

25 ctcgagccgc gagattcccc cgaagtctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
cgtcatcggt gtggtcgtgg tggccctcggt cgccggcatg gccgtctgg tgatcaccaal120
ccggagaaag tcggggaaagt acaagaagggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
gaaaccggac ttgttaggtac ccggcggggc agggatggg gtggggtacc ggatttcggt240
atcgcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcccaaagg agacgttat300
ccttcaaatt tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30 gcctcagggt ctcccttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtata420
cccttcgggt ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccggat cgtttcaag taactgaatc540
cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggg aatagcgttt ttatcgcctt600
35 gggtttaaat tatttgcata gttccacttg tatcatggcc taccggagga gaagaggagt660
ttgttaactg ggcctatgtt gtagcctcat ttaccatcggt ttgttattact gaccacatat720
gcttgtact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttggg tgtctttgag780
gacagacatt gcccggaaac tcagtctatt tattcttcag cttggccctta ctgccactga840
tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgc900
40 gtaattttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaaa960
aaaaaaaaaaaaaaa aaaaac 976

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1427 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

cttccggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtgggt gcacgcattt ctgtgctcca 60
actccctca ggcctgtgtt gcccactct gctgctatga gcttcctcaa aagttcccc 120
15 ccgcctgggc cagcgagggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggg ttgctgaac 180
ggaaagggcc tcggcactgg taccccttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggtagat 240
ggctctggat taggatttctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtcttagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
gaatcaaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgtatgtga tggtaacct 420
20 attactgaat ttagattttgt gcctagtatgaaatcagcgt tggaggcaat gttcaactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgttgg agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatactaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
25 gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctgggggt caggacagaa 720
gattcaataa gagattatga agatggatg gaggtggata ccacaccaac agttgcttgg 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcaactgaaatgatttta tgcaagtttta agattctgct 840
cctaagtgtt ggagagaact tgggcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
30 ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttcttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgacctt attaacttga tgaattaact 1020
taaccaagag ggtatttgtt gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc 1080
tctgagtagg cctataattt ctaccttgac tgggtgcattt atttgttgc tagcagatct 1140
atgtgttggaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc 1200
35 catgttttac cagtctgctg ttataacctc tttaggttgc tcccttaattt tccagcctt 1260
taggttagtt tctgttacag aacaagttagt tctggatgttgc agtgcctcaaa gtacttcaa 1320
tggtaattgt tttgttttgc taatagctta acaaataaac cttaggttttgc tatattaaa 1380
aaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

tccctatctt accctcccg atttccttt ttttttatggctttcttc 60
 ttttctttct ttctttttc ttccccctt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
 10 ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
 atagaacatt ttgaaggtaga acacacaccc taacccagggt tttttacccg ctttttaaaga 240
 tggccaattc ttcttctccc ccccacccaa agacatgtga gcaactgcta ataaaaagca 300
 gtaaacagcc gcttaggcta tagcagttc aactccactc tgaggtgaag attccaattta 360
 cattcgagac ttaagttctt tcaattttt cctaacaaaa gttcctgagt ccagtattta 420
 15 caatattaca gcactagcag atcagtgtct acaactcattc ttttctgtct gtatcctctt 480
 caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagttgtct gataatttggt tgaacaatttt 540
 ctccagttc cttcttctta gcttgaagt cttcaatgtc agatcttgg tggcttcca 600
 gccattcaat ctttcttctt acagttttt ccatggctc cttatcttca gaggaaagtt 660
 20 tacctccag ctttcttta tctccaatct gatttttag agaataggca tagcttcca 720
 actcatttctt agtatcaatg cgctccttga gcttttgc ttccctcagca aacttctcag 780
 catcattaac catccttccat atttcttcag gtgtcaggcg attctggta ttggtgattt 840
 ttagtcttatt tttgttccctt gtacccttgc cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
 catctatctc aaaggtgact tcaatctgtg ggaccccacg aggagcagga ggaattccag 960
 25 tcagatcaaa tgtacccaga agatgattgt cttttgtcag gggctttca ctttcata 1020
 ctttgattgt aacagttgt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080
 taggcaccac tgtgttccctt ggaatcagtt tggcatgac acetcccaca gtttcaatac 1140
 caagtgtaa gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tttatcttgc tcaccagaga 1200
 gcacaccagc ctggacagaca gcaccatcag ctacagcttctt atctgggtt atgccacggg 1260
 30 atggttcctt gccattgaag aacttttaa ccagttgtc aatcttggaa attcgagtcg 1320
 agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380
 ctttctggac gggcttcata ttagaccggaa acagatccat gttgagctct tcaaatttgg 1440
 cccgagtcag ggtctcagaa aagtttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttgc 1500
 35 cttgatgctg aagaagacagg gcccgttgg ctttttcttcc ctcgcgcccgg agtttctgc 1560
 cagcttattt gtcttccctg acatcttgc ccttcttcc tttgtacagt ttgatgaaat 1620
 gttccatgac acgctggcata aagtttctc cacccttccat agtatcttca ttgtggcc 1680
 caacttcgaa gacaccattt tcaatggtaga gaagagacac atcgaagggtt ccgcaccc 1740
 ggtcaaacac caggatgttc ttctcccccctt cccttttccatc caggccataa gcaatagcag 1800
 40 ctggcgtagg ctgcgttgc ttcataat ctttgc ctttgc ctttgc ctttgc 1860
 tggttgttgc gcgttggca tcattaaaat aggctggtagc agtaacaact gcatggta 1920
 ctttcttcc caaataagcc tcagcggtt ctttgc ctttgc ctttgc 1980
 tttcttcagg agcaaatgtc tttgttgc agaacttgc ttcatttttgc atcaacttgc atgtatgg 2040
 tagtttctt ttcacaccacc ttgaacggca agaacttgc ttcatttttgc acagacgggt 2100
 cattccacgt gcccggatg agccgttgg cgtcaagac cgtgttctc gggttggagg 2160
 45 ttagctgggtt ctggcgccca tcgccaatca gacgttcccc ttcaggatgc aaggcgacat 2220
 aggacggcgt gatgcgggtt ccctgtatgc tggcgatgc tccacgcgg ccgttcttgc 2280
 acacggcgcac gcaggagtag gtggccca ggtcgatgc gaccacgtg cccacgtcct 2340
 ctttcttgc ctccctctcg gcccggcccg cgctgagcag cagcagcatc gcccacca 2400
 gggagagctt catttgcac gccaatgggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgt 2460
 gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttgc caggcggcag gggcccgccc tcacaaggcg 2520
 50 ccacgaacca ggcgaaggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact 2580
 cgcgaaacac cccaaataggc caatctgtct gtgtcttgc ggcggcattc gacccttag 2639

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) RANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctccccgcgcg cgccgttaaa tccccgcacc tgagcatcg 60
ggccatagca ccatgcctgc ttgtcgcccta ggcccgttag ccgccgcctt cctcctcagc120
20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcgacag cgaatgcgc240
gacaacctca agtgcgtcag cgccggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gaggggttcct gcccccaaggt gaacattaac ttcccccagc tcggcctctq tcgggaccag360
tgccagggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgtc gccgcaatgg ctgtggaaag420
25 gtgtcctgtg tcactcccaa ttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtttc tgccctggccc tgcattctgtt tccagccac ctgcccctccc cttttcggg540
actctgtatt cccttttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 719 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
35 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

5 gtcgactttt tttttttttt tttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg ctccctgcca gtctgttcct ccccatggal20
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaaag acccgaaaaa gatgtatgccc180
accatctatg agctgaaaga agacaagac tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccaggtt gccagcccg cgagttcacg300
ctggcaaca ttaagagttt ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
aactacaacc agcatgttat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagttacttc420
10 aagatcaccc tctacgggg aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcatc480
cgtttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtgtatcg acggctgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgaccaggcc cgaacaccat600
tgagggagct gggagaccct ccccacagtg ccacccatgc agtgcctcc caggccaccc660
cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 20 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

40 gtcgataacg ccagacgcaa gacgccggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcatctgt gagcccgccg agtatacacc atagagcaaaat ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatgggt gcagacatgt180
ccaagaata ttgcgggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggatgggt gtaatacggag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
45 tcctctctcc ataggccctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaata aactttgtt atagtcaaaa aaaagttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

20 acgcggctga ctacgctcaa agctccattt ttagatcctt tctgtcctcc ttcctggctc 60
ctccttcctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
caactcgcc ttcaccatgg ctttcatgc caagtccttc tatgaccta gtgcacatcag 180
cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgatttgagaa 240
tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
ccgctttccc aggccctgg tggtccttg cttcccttgc aaccaattt gacatcagga 360
25 gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagttat gtccgtcctg ggggtggata 420
ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
cttcgcctac ctgaaggaca agctccccata cccttatgtat gacccatattt ccctcatgac 540
cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt ggcgcgtca gatgtggctt ggaactttga 600
30 gaagttcctc atagggccgg agggagagcc cttccqacgc tacagccgca ccttcccaac 660
catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ctttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc ctttaggatgc agcatgcctt 780
caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttac tgcagagcct 840
tgcctttccc ctctgcctgt ttcctttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
35 tgggctccaa gacttgggtt agctctggc cttcacagaa tggatggcacc ttcctaaacc 960
ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal020
taaaggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaa 1065

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcggc cgtagtctc cggcgagttg ttgcctggc tggacgtgg tttgtctgct 60
10 gcccggctc ttgcgcgtc cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa 120
gcagatctac tactcgaca agtacttca cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt 180
acccagagaa ctttccaaac aagtaccaa aactcatctg atgtctgaag aggagtgagg 240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg gttcattac atgattcatg agccagaacc 300
acatattctt ctcttttagac gacctttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg 360
15 ggatcgtaa atcttttca aatttaatgt atatgttat ataaggttgtt attcagtgaa 420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc 480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaaagt 540
tcttccagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagtt actgaaaacag tttactttg 600
ttcaataaaag tttgtatgtt gcattaaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

45 ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttcgg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtagcc 120
tgtcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
50 ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgctcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacccatcca 480
ctgcagccgg gggcttaccc tgctggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccatcg tacgacaccc ctcaagaggt 600

ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtgcgtg ctgaggatgg 660
 gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgctctg gacccttcag gctccatgaa 720
 catctacctg gtgcttagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
 aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaagggt ggcaagtat ggtgtgaagc caagatatgg 840
 5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacacgag 900
 taatgcacac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
 gtcaggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgtga gctggccaga 1020
 tgacgtccct cctgaaggct ggaacgcac ccgcctatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
 attgcacaaac atgggcgggg acccaattac tgcattgtat gagatccggg acttgctata 1140
 10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tggttgggt 1200
 cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgcttggct tccaaagaaag acaatgagca 1260
 acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa ccttggaaat gtttctacc aaatgatcga 1320
 tgaaagccag tctctgatc tctgtggcat ggtttggaa cacaggaagg gtaccgatt 1380
 15 ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcatcgcc ccttcaaagg gacacgagag 1440
 ctgtatgggg gctgtgggt ctgactt tgcattgtatc gacgcacatt gtttactgt 1500
 ggatgacaag gaacactcaa tcaaggatcag cgttaggggg gagaagcggg acctggagat 1560
 agaagtagtc ctatccacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
 tgaattttat gactatgacg ttgcctgtat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
 20 gactatcagg cccatttgc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
 tccaactacc acttgcacgc aacaaaagga agagctgtc cccgcagaag agcaaagaaa 1800
 gctgttttgc tccggggggaa gaaaaaaaaacc gccccgggggg gg 1842

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1596 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

ggccgggtata aaagccccac ccaggccagc cggctctgtc cagcattgg ggacgctctc 60
 agctctcgcc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
 50 agctcagctt ggagggtat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
 atactaactt tgatgtctgag cggatgttt tgaacattga aacagccatc aagacccaaag 240
 gtgtggatga gtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
 atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcattcagca ctgaagttag 360
 ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
 55 acgctctgtc gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattt 480
 agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcagggaaat taacagatc tacaaggaaa 540

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
 tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
 tgattgacca agatgctcg gatctctatg acgctggagt gaagagggaaa ggaactgatg 720
 5 ttcggaaatgt gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaag aggttaaagg 840
 agacctggaa aatgcttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtatTTT 900
 tgctgatcggt ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
 aatcatggtc tcccgcatgt aagtggacat gttggaaattt aggtctgaat tcaagagaaal020
 gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aaggggcgact accagaaagc1080
 10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
 ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggc tagaaaacca gcttgcgaat aacagtcccc1200
 gtggccatcc ctgtgaggggt gacgttagca ttaccccaa cctcattttt gttgcctaagl260
 cattgcctgg ctttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaaggal320
 15 gttggaaagtg aagtctatga tggaaacac tttgccttct gtgtactgtg tcataaacagl380
 atgaataaaac tgaatttgc ctttagaaac acgtactttg tgccctgct ttcaactgaal440
 ttgtttgaaa attaaacgtg cttggggttc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaal500
 gctctgggac tgagctgtac agtatggttg cccctatcca agtgtcgcta tttaagttaa1560
 atttaaatga aataaaataa aataaaatca aaaaaaa 1596

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1033 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 25 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

gtcgcagctg accctcgctc ccgccccccgc ctggagtcgg acgtggaaagt tgctggctga 60
 ctggcgttgc gaggaaaccc cctcgagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
 ggcgagggag gacaggggggt tcattatggg tggcttttc tcaagtatat tttccagtct 180
 gtttggaaact cggaaatga gaattttat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
 aattttgtac agattacaag tggagaagt tggtactact atacctacca ttggatttaa 300
 ttagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
 45 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaaccaca gatgcgtca tttatgtatg 420
 agacagtgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttatgtt ccatgttgaa 480
 ggaagaagag ctgagaaaag ccattttgtt ggtgttgca aataaacagg acatggaaaca 540
 ggcctgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtt cctgccttga aggaccgaaa 600
 atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgtatgagg caatggaaatg 660
 50 gttagttgaa acattaaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
 gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtt cttcacacta ctagatgtt 780

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgttagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattcttt cttgccttct tttgttaagg tatataattct atttgtatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa 1020
5 aaaaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFSY WWWITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
TPVCL 65

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

- 20 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWYTLFTPQF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- 40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVFYKNS60
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 10 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDTYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEgg EKTHTYKTT60
25 LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- 30 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
45 EWNQKNVVSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- 50 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60

SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQC1QKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120

35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180

T 181

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEE EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120
NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPVM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNVI300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSDT NIRWNNYIAG360
RAFVLCSAVS DFDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
10 GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEEH ADMYRSIDL PN PDTLSAELHC120
WRIWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHLD LMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 35 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

50 RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSISGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGEWSWA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEEAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60
OKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFIIKK QHTRKAELRN60
ADWGVKVKCK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(iii) MOLEKÜLTÝR: ORE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60
AMYKLGY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

50 SCERRGFIMA DDLKRFPLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKE LAP120

L'FEELROVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20 QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSPEL EYIIPRKRGKN PMKAVALWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SORFRASSOS APSPDVGSV OT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFICFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPMQ QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLRCRA RVLL 114

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTSK VKPKGVWRWT GSRTGRWRY SSNDESEGSG 60
SEKSSAASEE EEEKESEEEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSCDSGY HTACLRPPLM120
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLDV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIIPPQE180
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIDEAIED DIKEADGGGV240
GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIP TY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISSG WFGRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDIFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISE LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTS P S I N E D V I I N G H S H E D D N P F A E Y M W M E N E E E F N R Q I E E L W E 60
EEFIERCFQE M L E E E E H E W F I P A R D L P Q T M D Q I Q D Q F N D L V I S D G S S L E D L V V K S N L N P 120
NAKEFVPGVK YGNI 134

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
35 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RS RAGINHSC SSSSSSISWK QR SINSSHHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTAKA WYYRVRGFRFF RGGLFDFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

30

- (vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLKC60
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

45

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNDSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
-
- (B) TYP: Protein
-
- (C) STRANG: einzel
-
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHG 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 30 (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
-
- (B) TYP: Protein
-
- (C) STRANG: einzel
-
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPD DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
-
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRRPLGGG APSRSRGRRRI GWARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

20 (A) LÄNGE: 214 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWST 60
SVESMWDSEA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDFVIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

45 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDL60
RF 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLISRKIKQ NTSPARLTCV YYIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
50 LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVVMWF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGKGKRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

40

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSAIIQIAQP60
FYVHNSSL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

45

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFYHTV PLPPKGRLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

35

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRY 60
KDCSMAALTS HLQNQSNNSN WNLRTRSKCK KDVFMPPSSS SELQESRGGLS NFTSTHLLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGIPPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFFKKWTTP RSPFNVLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
5 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

DCGKVQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLpqSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFF TPGKPLGLSE60
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDFQFL HLVSSLGYL60
FFHKKCIFLL Palsaerhyg QIQRQLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:
- 15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRSVSG AANTKVRELK HFRFLGLLR 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:
- 20 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- 30 :
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:
- 40 ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGFHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:
- 45 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEEEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 35 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMLTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

40

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNCAEPRMT 60
LQSRSVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPK DPMAGISTAE HHLDPTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVVYVLN GSMLPVPSPL PLCQPPVALV 60
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- 35 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50

TAPCCRCRAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLO VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 : (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 : (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QLTSRSWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGLAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKLYIN RD 72

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 35 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLPGAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20 RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKEYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOIOLOGIE: linear

(ii) MOI EKÜL TYP: OBE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDSMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAHQHQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60
LETLFKLFSL LDEDKDGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

20 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

35 ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

40 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

KTTIHGPCQN HLPPPHCFLK RPGLLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPV LAP LLSEQQQGFQG60
SGWHESLSP SCSFMTNVPR TQ 82

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPPSSRSSL AGQTNTQHSH SARES

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSLSSSR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLESGGFSC VSVFFSF DLS NFSISAISGL 60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

20

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKF DATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSSRLAAV A 101

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

40

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPPSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAAH ASLRFACLLL LFNRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

10

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45

LMPPPYPYPL PIMQGPERRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLKPEHHS120
WGQHLPHAAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
KKKRKKKKK 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQESEGQEE GGSPLKGPGQ GSLNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHHSSS 60
DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPKVKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5 GGPPPPKHL SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLAL LLLALLLH FGLLGLARDA 60
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAVGGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTCAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
30 NQQKEKKEKK KKRSFKGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- 35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PALSHLPRHQ INRKRRKRRR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEQEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSCTLK KSNPYGEWQE IKQEVEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFK 240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 GKGRRKGIG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
PFFEKKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (II) MOLEKÜLTÝR: QBF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLLELWQM EWPOSSKREE LENGKILGKF60
KCNEVMTQ 68

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOI OGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDNN NAGSGQQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYGNNGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQLDALV KEKKLQGKGP120
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCICKLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPEFMER EEKAVSLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLLALVAGE VLODHRLALO LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSILMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLCLAE KPLAFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRSLMT 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜL-TYP: ORF**

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGYY RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRPPP ESYPQAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- 50 (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHEIW KQYIRDILCSG LKPDTQPQMI QAKLLKADLH120
15 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- 20 (A) LÄNGE: 645 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLL SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PLLSVKELRD MGITLHLLLH SDRDPIDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAISRSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFITLE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
40 RPDTDTDEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGT AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDF HLNRVNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNKKSY DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
45 LDVYFEYEERK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLHQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
LVLKQNLPLV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- 50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGG C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35 QLGWIFYFMS YPLHAAHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KOSWHSFVYV 60
SPSVPQTRLD IWEQVGDESTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRRTAML120
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- 10 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- 30 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

45 TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHQAG 60
SDSLLTGMAF FKMREMFFED HIDDALKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- 50 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRTVTNP 60
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKKPP ISHPIYWNNP SRMNLRGLLS RQSHLDPLR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180
PRNRIKQPNR IKLRCR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLCINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGLFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
NLE 123

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

NMLLAEVRIS M VIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
35 ILSSIEFMVT QCQVVIYIYI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- 35 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VFAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

TSTTVFFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIICKTF TRVLNKSSLT60
BK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPelfemiff VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YY SIFYHQYC SQNVQKKSFO IT QEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGL 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDLAEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RE LDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VL MRANIQAV SLKIQTILKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

: ;

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSS 60
GVFRRPNRNS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

: ;

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCLPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAHGL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDV CIV LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTEV MK AMQSLV KIPE IQATMREL SK EMMKAG IEE MLEDTFESMD DQEEMEEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQS QNLQ ERWL PORMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLC CEDYH FGE GS VCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRK KKKKK K 111

35 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFP A 60
50 EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20	TWCTTMLAA RLVCLRTLPS RGRTGQELKE AALEPSMEKI IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL CAPSEKFLNM GAPLGVLGL TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD	RVFHPAFTKA SPVVKNSTITK FKIDQMGGRWF VAGGAAVGLG IGLTALSAIA ISRTPVLMNF LHSGVMGAVV APLTILGGPL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT PINSMLSIYM DTLNIFMRVA	NQWLLETPSRE YATKTRIGIR 60 NEIGAIEKAV120 MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180 LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240 LYSVAMYGGL VLFSMFLYYD300 TMLATGGNRK K 351
----	--	--	--

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: QBE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVGGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
 RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
 MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

50 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSSEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKFARRGA DGQEPNKLLR 60
LGAEARTQDG GSRAAWPVTR RRGAAAGPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5 RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLWEDET LGCCCKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- 35 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50 ATLPDALPPA TKFFLKAFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

5 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISSRACAL CLRSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPA60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

50 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYIIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKV LSFQLGSYQQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTS DAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWG LLL CGAD RTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRA GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STTFLCWQIC FQIDF 135

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FS LDQKKICL PT ISL VVWPT VT IFLCVQRH IGF AFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATG QV VY YQI ITSRCQLHIE SFM KFINKEL FFL CGF NKSS RIV QSL VNVI LI I PLN FICC 120
CY LL KY DLF R LI I PLI QEMP RG IPWG NGAS Y SVNF SSFTF ANIMA EFFLS LVR QLL TEFF 180
IL TIL SHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHR PPPPA SKPPP ALRCL SDGVRLRGHG 60
EDEQI ILVLD P TD LKFKGP F TD VVT TNKL RNPSDRKVCF KVKT TAP RRY CVRPNSGIID 120
PGSTVTV SVM LQPF DYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV 180
FEMPNENDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL 240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAIF IGFFLGKFIL 300

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

15 HSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSLDQ SNVTEETPEG EEEHPVADTE NKENEVEEK120
EEGPKEMLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKE EAHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFQD LGRPGRGGRG GRGGRRGGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAEPALA 247

20 :
15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- 25 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 :
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

50 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- 40 (A) LÄNGE: 220 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

5 PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLGLPTRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGY RDGMDNQGGY GSVGRMGMGN180
 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSgggYYQGG MSGGGWRCMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
 35 TCTGGTACT GGATTAGATG AACTCTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120
 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
 ACAGCAGAGA GAACAACCTGG AACGCCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCC TCTGATTGTA TCCTGACTCG 300
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTCTTAT GCAAGAAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTC TAGAAGTCCA GAATTTGGA 480
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTT 540
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGTATT 660
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTTC AAGTTTATC 720
 45 ATTTGAACTC AAGTACTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
 AACCCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
 CTCTTGACCC TGCACGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
 GCTTATCCAG AACCGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
 50 CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTGTT GAAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGAT AAAGACTTT TAATTTAAA1080
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20	ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
	CAGGCCCGC CGGGCCTTC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
25	AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTGCA 180
	TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCAATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTG AACC GGTTGTT 240
	GATCAGTGT A TCCAGAAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
30	AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
	CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
	CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCGC CGACATCCCT 480
35	CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAAC TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
	ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTGGCCT ATGAGTGGC TGATGCGTGA GGTGGCCAC 600
	ACATTCCCTC CTGTGGACTT GACATTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCAT 660
	TTAGTTTAT GCTCCCATG AAAAATTTTC CACTATTTT ATAAGCTGTT AATTCTTGA 720
40	GTACTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGGATA AACCAAGTAA GTATTTTTT TTTGTCTTAA 780
	GCGAAGTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
	TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTT ATGTGTGTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
	AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
	ATTACCCCGC GGTGGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTGCA TCTGTTTAA GACTTGAAC1020
	TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAA AAAAAAAA1080
45	AAAAAAAAA 1088

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

	ATGCCGAACT	TCTGCGCTGC	CCCCAACTGC	ACGCCGAAGA	GCACGCAGTC	CGACTTGGCC	60
	TTCTTCAGGT	TCCCAGCGGG	CCCTGCCAGA	TGCCAGAAAGT	GGGTGGAGAA	CTGTAGGAGA	120
15	GCAGACTTAG	AAGATAAAAAC	ACCTGATCAG	CTAAATAAAC	ATTATCGATT	ATGTGCCAAA	180
	CATTTGAGA	CCTCTATGAT	CTGTAGAACT	AGTCCTTATA	GGACAGTTCT	TCGAGATAAT	240
	GCAATACCAA	CAATATTGTA	TCTTACCACT	CATTTGAACA	ACCCACATAG	TAGACACAGA	300
	AAACGAATAA	AAGAACGTGAG	TGAAGATGAA	ATCAGGACAC	TGAAACAGAA	AAAAAATTGAT	360
	GAAACTTCTG	AGCAGGAACA	AAAACATAAA	GAAACCAACA	ATAGCAATGC	TCAGAACCCCC	420
	AGCGAAGAAG	AGGGTGAAGG	GCAAGATGAG	GACATTTAC	CTCTAACCCCT	TGAAGAGAAG	480
20	GAAAACAAAG	AATACTAAA	ATCTCTATT	GAAATCTTGA	TTCTGATGGG	AAAGCAAAAC	540
	ATACCTCTGG	ATGGACATGA	GGCTGATGAA	ATCCCAGAAG	GTCTCTTAC	TCCAGATAAC	600
	TTTCAGGCAC	TGCTGGAGTG	TCGGATAAAT	TCTGGTGAAG	AGGTTCTGAG	AAAGCGGTTT	660
	GAGACAACAG	CAGTTAACAC	GTGTTTTGT	TCAAAAACAC	AGCAGAGGCA	GATGCTAGAG	720
25	ATCTGTGAGA	GCTGTATTG	AGAAGAAACT	CTCAGGGAAG	TGAGAGACTC	ACACTTCTT	780
	TCCATTATCA	CTGACGATGT	AGTGGACATA	GCAGGGGAAG	AGCACCTACC	TGTGTTGGTG	840
	AGGTTTGTG	ATGAATCTCA	TAACCTAAGA	GAGGAATT	TAGGCTTCCT	GCCTTATGAA	900
	GCCGATGCAG	AAATTTGGC	TGTGAAATT	CACACTATGA	TAACTGAGAA	GTGGGGATTA	960
	AATATGGAGT	ATTGTCGTGG	CCAGGCTTAC	ATTGTCTCTA	GTGGATTTT	TTCCAAAATG	1020
30	AAAGTTGTG	CTTCTAGACT	TTTAGAGAAA	TATCCCCAAG	CTATCTACAC	ACTCTGCTCT	1080
	TCCTGTGCCT	AAATATATGT	GTTGGCAAAA	TCAGTACCTG	TTATGGGAGT	ATCTGTTGCA	1140
	TTAGGAACAA	TTGAGGAAGT	TTGTTCTTT	TTCCATCN	TCACCCACAC	TGCTTTAGA	1200
	ACTTGACAAC	GTAATTGCTG	TTCTTTTCA	GAACAGTAA	GAAAGGGGTA	AAGAACTGAA	1260
	GGAAATCTGC	CATTCTCACT	GGACAGGGAG	GCATGATGCT	TTGAAATT	TAGTGGAACT	1320
35	CCTGCAAGCA	CTTGTTTAT	GTTAGATGG	TATAAATAGT	GACACAAATA	TTAGNATGGG	1380
	AATAACTATA	TAGCTGGCCG	AGCATTNGT	ACTCTGCAGT	GCAGTGTCA	ATTTGATTT	1440
	CATTGTTACT	ATTGTTGTT	TTAAAAATGT	CCTATCTTT	ACAAGAGCCT	TTGGGAAAAA	1500
	CCTNCCANGG	GGCAAAACCTC	GTGATGTCTT	CTTTGCGGCC	GGTAGCTTGA	CTNGCAGTAC	1560
	TGNNCATTCA	CNTCAACGAA	GTGAGTGGG	AAATATTNGA	AGTTTATCAT	GAATTGTTG	1620
40	TTGAGGAAGC	CACAAATTG	GCAACCAAAC	TTGATATTCA	AATGAAACTC	CCTGGGAAAT	1680
	TCCGAGAGC	TCACCCNAGG	GTAACTTGGG	ATCTCAGCTA	ACNCTCTGAG	AGTTACTATA	1740
	AAGAAACCCN	TAAGTGTCCC	AACAGTGGAG	CACATTATTC	AGGAACCTAA	AGATATATT	1800
	TCAGAACAGC	ACCTCAAAGC	TCTTAAATGC	TTATCTCTGG	TACCCCTCAGT	CATGGGACAA	1860
	CTCAAATTCA	ATACGNTCNG	GAGGAACACC	ATGCTGACAT	GTATAGAAGT	GACTTACCCA	1920
45	ATCCTGACAC	GCTGTCACT	GAGCTTCATT	GTTGGAGAAT	CAAATGGAAA	CACAGGGGAA	1980
	AAGATATAGA	GCTTCCGTCC	ACCATCTATG	AAGCCCTCCA	CCTGCGCTGAC	ATCAAGTTT	2040
	TTCCATAATGT	GTATGCATTG	CTGAAGGGTCC	TGTGTATTCT	TCCTGTGATG	AAGGTTGAGA	2100
	ATGAGCGGT	TGAAAATGGN	ACGAAAGCGT	CTTTAAAGCA	TATTTGAGGG	AACACTTTGA	2160
	CAGACCCAAA	GGTCAAGTAA	CTTGGCTTT	GCTTTAACAT	AAATTTGG	TATTAACACAA	2220
50	CGACCTGGAT	TTAATGGTGG	ACACATATAT	TAAACTCTAT	ACAAGTAAGT	CAGAGCTTCC	2280
	TACAGATAAT	TCCGAAACTG	TGGNAAAATA	CCTAAGAGAC	TTTTAAAAAT	AGGCTTTCTT	2340
	ATATTGATA	TTTGGAAAGA	AAAGCCGTAA	GGTGTATGTA	GACCACTTAA	TCACTAAATA	2400
	TCTTGCCTA	TAGGACTCCA	TTGAATACAT	TAGCCATTGA	TAATCTACCT	GTTTAAATGG	2460
	CCCCCTGTTG	AACTCTCAAG	CTTGAAGAC	CTACCTGTT	TTCCAGAAGA	GAACGTTGAA	2520
55	AGTGCCATGT	TTCCNTTTG	CGTGTATCTCT	GTTGATGGCA	CTCTGGAATT	GTTCAGTTA	2580
	AGTCATTTA	GACATAGCAT	TTATTATCAC	TGTGGNATCT	CTACTTGTG	GGTGTATGA	2640
	ATTCTTGNA	AGNAAAATATA	TTTNNGAAGA	GGTGTGGGNA	GGNAAGGAAT	ACNATTTAT	2700
	NAAAATGTTG	TAGTGNAGN	CCCACAATTN	GACCTTNGA	CTAATANGGA	GTTTTAAGTA	2760
	TNGTAAAAAA	TNCTATACTG	GNNACAGNTT	ACAAGAAATT	ACCGGAGAAA	AGCTTGTGAG	2820
60	CTCACCAAAA	CAAGGNATT	NCAGTGTAGA	TTTGTCTNTT	TCTTGAACNT	TNAAAGAAAN	2880
	CAAATGANCA	AAGTTGAAAT	NGGAAAAGCC	TGCTGTTGTT	CCNACATCTC	NGTTGCTGTT	2940
	NNTACANTTC	CNNNTTTGTG	GAGNCCTACN	ATCTTNCC	AGCTTTTNA	GCANGGTATA	3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAACATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAAC3060
 TGATTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTTATAAG CNAAAANCCT GGANAAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTG TGAGAAAAT CNAATTTGT ATAGTTTATT3240
 5 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTAA AAAAAAAA AAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAA TTCAAATATA AGTTGGTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTGCAA 420
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTTC TAAAGTAAGC 480
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGG 720
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTGGAT 840
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCAGA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAAGAAC 1020
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA 1080
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC 1140
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```

AAGGACGCTT GCCTTTTCC GGTCGGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACTTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGCGTT TGTTGGTGG GGTACACGC GGGTCAACA 120
25     TGCATCGAA AAAGTGTAT TTCTGTCGG GGCACATCTA TCCCTGGACAC GGCATGATGT 180
TCGTCGCAA CGATTGCAAG GTGTTCAGAT TTTGCAATC TAAATGTCAT AAAAACTTTA 240
AAAAGAACG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAACGCGCA AGCTAAATTG ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30     TTCAGGATAT CAAAGAACG AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGGAAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTGAAAAT GCCCTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTG TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
35     AAAAGACATC TTTCCTGCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
CATCTCAGTG TAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAACATATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCAAGGT AGTGTATGT AAAATAAAAT 960
ATTCTTGCA GTAAAATATT CCCTTGTAA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAAGGAA1020
40     CTAACAAATTG GTATGGCAGT GTCAAGATATT TTTATTTAG TATTTCCTGT TTGGTTTAT1080
TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTT1140
TGACCTGGTT TAACCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAAC AACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAACAGAG1320
45     GAATCCCAGC GCCTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTCTT TTAAAAAGCT CCTGTTTG1380
GAAAGTAGAA TTTATGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAA AAAAAAC

```

1467

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

CGGCTCGAGC CCCGCTCA GT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCCTACCT GACCCATCAG 120
CAAAAGGTGT TGC GGCGCTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG 180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT 240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC 300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA 360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA 420
25 ATGTATCCTG ATTACTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG 480
GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGGAGGA ACGCCACCTG GTGGTCCTT AACTGAAGCT 540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA 600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAA GTGAAAT 660
ATGTTACAGA ACATGCACCTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAAA AAAAAAAAAA 720
AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA

739

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2146 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC CTTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
 CACTTGAAA TTCTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTGA 120
 5 GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAAA 180
 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
 GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTGAAA GCAAATTCAT 300
 TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
 TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
 10 TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTATGCTG ACTCGATCTA 540
 AAAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GCCCCTTTCG GCAAGCCTT 600
 CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
 GAAGTATAAT AACCTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTCCCTTAA TTTATTGTTG 720
 15 GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
 ACAAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
 GCTGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
 ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTAA ACATTACCCA 960
 GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CCTTCTGTCT GGGGCACCTT AGAGTCTTT 1020
 20 GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG 1080
 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT 1140
 TCTTAACAAT TCTTTTTCA GGGACTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACTATCTA 1200
 AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTAAACA 1260
 TTACCCAGCA TCATTGTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCT TCTGTCTGGT GGCACCTAGA 1320
 25 GTCTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGAGTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT 1380
 CTTCATGACC ACAAAATAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA 1440
 TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTCTA GCTGTATGAC TGTACTTGA 1500
 CCTTCTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCT TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT 1560
 AATTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT 1620
 30 CTTTCACCTG CATTTTATTG GGTGTTGTC TGAAGAAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA 1680
 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT 1740
 TATTAATAG AAAAAAAA TTTTGGTCC TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTGAC 1800
 TTATGATGAC CATTATGCA CTTCAAATG AATTGCTT CAAAATAAT GAAGAGCAGC 1860
 TGTCCCTCTT TCCTCTTTA AGTGGTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTTC CTGCTGGATT 1920
 35 CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTCTTTT TCAGCTGTC GTGCCCTCCT TTCTTGATC 1980
 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT 2040
 GATGGGAGAC CAAAGAATTG GCAAGTGGAT GGTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAGAGGG 2100
 CCTGGGAATT CTTGCGATT CATCTCTAAA AAAAAAAA AAAAAA 2146

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 45 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
 TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
 GCAGGGGGT GAGGAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
 10 TCCTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAAA 240
 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
 AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGAGCA AGAACAAAC 360
 CCTTGATGAT TATTGATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAAGTGT 420
 TTGCTGAAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCCTCCTC AATCTGGTT 480
 ATGAAACAAAC TGACAAACAC CTTTCTCTG ATGGCCAGTA TGTCCTCCAGG ATTATGTTG 540
 15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACGTGGAAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
 CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
 TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAATCT CCAAGCCCTT CTGCTGTCA GGCCTTGAGA 720
 CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AACATAGTG AACACACTGA 780
 20 TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAACTA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATT 840
 GGTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTT 900
 CTAAAAAAAAA AAATAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTC TCCAAAAAAA AAAA 960
 AAAAAAAAAA AAAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1652 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 30 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
 CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
 NCCGGNNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180
 CAAGAGAACT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
 AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATAACAT TCCTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300
 CCTCTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360
 55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTCCCT TCCAACCAAT 420
 TTGGCAAACAA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTCGNN 480
 ACCAGGTNNG GGGGTTTGT GNCCATAATTN NNNTCCAGNC TCNTTGAGA AANNGGANGA 540

TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
 CCCACTGCAG NAACCTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
 CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
 5 TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNC 840
 CACCCCTACCC CTACCCCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900
 GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
 AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
 10 CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTGAAACCC CANGGGNATG1080
 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTT CAGCNTTCT1140
 GTTCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
 CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTTGGG GNCCANGCAT CNTCCCACAT NGCCCACACN1260
 TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCA1320
 15 AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCTGNA AGCCCTTGTN1440
 GGGNCGGNGC CTCCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
 GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560
 TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTCTGC AGCAAAAAAA1620
 20 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
 CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
 ACCCTCGATT GTTTTTCTC GCCATTAGA TGTTGAAGTA CCCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
 50 ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTCAA AATGAGAGAA 300
 ATGTTCTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCAATTGTA TGGCCTTGGT 360
 TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
 CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTG TTATTTGGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
 AGGTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTCAT 540
 55 GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTAA 600
 TAAAAAGAAA AAAAAAAACG CATTCAAGGTT AAATTGGCC TTAATTAAAT ATACTTGTAA 660
 GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTCG ATAAACTTTA 720
 CCGACTTGAG TTTGGTTAT TTTTCCCTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATT 780

ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
 GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTT TATCAGAAAA 900
 TTTGTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
 5 TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGAT TCAGCGAAC TTAAAAAAAGA1020
 CAAGAAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTTCTGTA CGTAGTGTT AATCTTCAA1080
 GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTA GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
 TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200
 CCAGGAAC TGACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
 10 TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
 GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAG 1409

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 900 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACCGTC CCGGAAACGG CGGGGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60
 AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAACGCTGA CCCGGAAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120
 40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180
 CAGAGGAGCT ACTGCGGAG ACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240
 GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATTT AAGAAGATGG300
 CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTCGCA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360
 GCTATGTGCG CAAGTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420
 45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTCAAC AAGGCCATGG480
 GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCG AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTGAGC540
 GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCA600
 TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCCAGGTT CTGGATGAGC660
 TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720
 50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780
 ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCCTGCCA CTCCGAGATA840
 ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCAAC ACCCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```

GGGCCCGGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGCGC GGGAACTGA AAGCCGAAG 60
GGCAAGACG GGTCAGTTC GTCATGGGC TGTTTGAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCA 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCA TAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGGCA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTAA 600
CAGCAGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGA CTCAGGCCAC CATGAGGGAGG TTGTCCAAAG 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
35 TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGCAGCT AGGGGCTGCC TACCCCGCTG GGTGTGCACA 780
CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTG GAGAAGGTTG TGTTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTAG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
40 ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
GAATTTAAT AAATTTTGC TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT
  1145

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

	GTTGCGACAT	GCAGTGCGCC	GGAGGAACTG	TGCTCTTGA	GGCCGACGCT	AGGGGCCGG	60
15	AAGGGAAACT	GCGAGGCGAA	GGTGACCGGG	GACCGAGCAT	TTCAGATCTG	CTCGGTAGAC	120
	CTGGTGCACC	ACCACCATGT	TGGCTGCAAG	GCTGGTGTG	CTCCGGACAC	TACCTTCTAG	180
	GGTTTCCAC	CCAGCTTCA	CCAAGGCCTC	CCCTGTTGTG	AAGAATTCCA	TCACGAAGAA	240
	TCAATGGCTG	TTAACACCTA	GCAGGGAATA	TGCCACCAAA	ACAAGAATTG	GGATCCGGCG	300
	TGGGAGAACT	GGCCAAGAAC	TCAAAGAGGC	AGCATTGGAA	CCATCGATGG	AAAAAATATT	360
	TAAAATTGAT	CAGATGGAA	GATGGTTGT	TGCTGGAGGG	GCTGCTGTTG	GTCTGGAGC	420
20	ATTGTGCTAC	TATGGCTTGG	GACTGTCTAA	TGAGATTGGA	GCTATTGAAA	AGGCTGTAAT	480
	TTGGCCTCAG	TATGTCAAGG	ATAGAATTCA	TTCCACCTAT	ATGTACTTAG	CAGGGAGTAT	540
	TGGTTAACCA	GCTTTGTCG	CCATAGCAAT	CAGCAGAACG	CCTGTTCTCA	TGAACCTTCAT	600
	GATGAGAGGC	TCTTGGGTGA	CAATTGGTGT	GACCTTGCA	GCCATGGTTG	GAGCTGGAAT	660
	GCTGGTACGA	TCAATACCAT	ATGACCAGAG	CCCAGGCCCA	AAGCATCTTG	CTTGGTTGCT	720
25	ACATTCTGGT	GTGATGGGTG	CAGTGGTGGC	TCCTCTGACA	ATATTAGGGG	GTCCTCTTCT	780
	CATCAGAGCT	GCATGGTACA	CAGCTGGCAT	TGTGGGAGGC	CTCTCCACTG	TGGCCATGTG	840
	TGCGCCCAGT	GAAAAGTTTC	TGAACATGGG	TGCACCCCTG	GGAGTGGGCC	TGGGTCTCGT	900
	CTTTGTGTCC	TCATTGGGAT	CTATGTTCT	TCCACCTACC	ACCGTGGCTG	GTGCCACTCT	960
	TTACTCAGTG	GCAATGTACG	GTGGATTAGT	TCTTTTCAGC	ATGTTCCCTTC	TGTATGATAC1020	
30	CCAGAAAAGTA	ATCAAGCGTG	CAGAAGTATC	ACCAATGTAT	GGAGTTCAAA	AATATGATCC1080	
	CATTAACTCG	ATGCTGAGTA	TCTACATGGA	TACATTAAAT	ATATTATGC	GAGTTGCAAC1140	
	TATGCTGGCA	ACTGGAGGCA	ACAGAAAGAA	ATGAAGTGAC	TCAGCTCTG	GCTTCTCTGC1200	
	TACATCAAAT	ATCTTGTAA	ATGGGGCAGA	TATGCATTAA	ATAGTTGTG	CAAGCAGCTT1260	
	TCGTTGAAGT	TTAGAAGATA	AGAAACATGT	CATCATATTT	AAATGTTCCG	GTAATGTGAT1320	
35	GCCTCAGGTC	TGCCTTTTT	TCTGGAGAAT	AAATGCAGTA	ATCCTCTCCC	AAATAAGCAC1380	
	ACACATTTTC	AATTCTCATG	TTTGAGTGT	TTTAAAATGT	TTTGGTGAAT	GTGAAAACATA1440	
	AAGTTTGTGT	CATGAGAATG	TAAGTCTTT	TTCTACTTTA	AAATTTAGTA	GGTTCACTGA1500	
	GTAACTAAAA	TTTAGCAAAC	CTGTGTTGC	ATATTTTTT	GGAGTGCAGA	ATATTGTAAT1560	
	TAATGTCATA	AGTGATTGG	AGCTTGGTA	AAGGGACCAG	AGAGAAGGGAG	TCACCTGCAG1620	
40	TCTTTGTTT	TTTAAATAC	TTAGAACTTA	GCACCTGTG	TATTGATTAG	TGAGGAGCCA1680	
	GTAAGAAACA	TCTGGGTATT	TGGAAACAAG	TGGTCATTGG	TTACATTCTAT	CTGCTGAAC1740	
	TAACAAAAC	GGTCCATCC	TGGAACAGGG	CACAGGTGAA	TGCATTCTC	CTGCGGTTGG1800	
	CTCCCCAGTG	GCCCGCCTTC	CCATATAGGA	TGTGGG			1836

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

50 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

TGAAGTTCTA AGAGCTTCC AAGTTGGGA AGGTGTCGG GTTTCTCG ATTACTCTC 60
15 TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTGTCGC TTATGCGGTG ATTTAATGA TAGGTGTCAT 120
ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTG AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCCT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCAG 360
20 ATCCCCTGTC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
AAGGAGGAAT ATCAGTCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACAA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAAATATGA GTTGCACATC GAGTTGACA TTCCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCAG AAATTGCGATC TCCTGAGCTG GATGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
25 GGCAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
CTGATTCAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCTGT GCATCACACT 900
TAACTCATCT AACTGCTTCC CGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTACTA AGTAGCTGCA 960
30 GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTCTAA 1020
GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC 1080
CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA 1140
GTCTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCCCTCTGG TAAAAAA 1200
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1220

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

5 CGCAGTGCAG AGCGTGGGG CTCTCCCTT GTCAGTCGGC GCCCGGTGCG GGCTGGTGGC 60
 TCTGTGGCAG CGGCAGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
 CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCCTAAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
 ATCTCCATT CATGATATTCA CAATTATGC AGATAAGGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
 AGTACCAACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
 TAAACAAGAT GTGAAAAAAAG GAAAACCTCG CTATGTTGCG AATTGTTCC CGTATAAAGG 360
 10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
 ACATACTGGC TGGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
 ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
 AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
 TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
 15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTGCGT TTAATGCAGA 720
 ATTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
 ATTAGTGAATC AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
 GAGCCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCAACC 900
 CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTCCATC ACCAGAAAAA 960
 20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT1020
 TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TAAATTGTT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
 AAATTCTGCT GTGACTAACATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTCAT1140
 ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TAAATATCA AAGCAGTTGT CATTGGAAG1200
 TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
 25 GGAAATAAAA TTATTTGCT GAAACTTGGG AAAAAAAAAAA AAA 1303

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
 TGGACGTGGA ATGGGCCAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTGATAG 120
 GCATAGTGGA AGTGTAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
 55 TCACAACTGG GGAACGTGCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
 AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
 TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

	AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAAG GCTATTCAAATAAAGGACCG 420
	GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAAGAA 480
5	GGGATTGTT CTTCATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
	CCATCATTTC CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
	CCTTGGCCGC CCAGGACGTG CGGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGCG 660
	CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
	AGAGGCATTG CGAGCTCTGG CTTAAGTGG TGCCATAAGA CAACCCCTGGT TCCTTGTGA 780
	ACCCCTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAACGACTAAGA AATTAAAAAA 840
10	AAAAGACTG TCATTCTAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900
	GAACCTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTTGTAT TTAGAAATGT 960
	ATTGGTAGCA GGGATGTTT CATAATTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACCTTT 1020
	GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080
	CAGTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTT TTTAATTAAAG GATTAGAAG TTCCCCAAT 1140
15	TACAAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTAATA CCTGCTTTGC ATATTCACAC 1200
	ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACATTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAATACTA 1260
	ACTATATGTA TTTTAACCTA GTTTAATAT TTTCATTTC GGGGAAAAAT CTTTTTCAC 1320
	TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380
	GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCATT 1440
20	TGGGTCCAA ATTATAACTG ATTACATTTC TCAGCGATAT TACCTTTAAA TGCCTGAGTT 1500
	CCCATTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGGAAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560
	CGGGCCAG 1568

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

KQVKCAKVSY LLFLFQYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVTLW SMSSVSLAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YSLSYSSAAL 120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVVGVS A LGTGLDEL FV QVTSAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QQRQLELR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFONFM QESMAOYWK R NNK 143

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

30 IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DOCIQKFLDI AROTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTCLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60
RDVGGLFVLH VDVLQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDL A FFRFP RD PAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
25 ETSEQEQKHK ETNNNSNAQNP SEESEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLF EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTP DN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREET LREV RD SHFF SIITDDVVDI AGEELHPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
SCALNMWLAK SVPVMGVSV A LGTIEEVCSF FHXITTAFR T 401

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

35

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSNL PNPDTLSAEL HCWRKWKHR GKDIHELPSTI 60
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERGYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTKEE EEKTNVGRRL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEGED EVEESTALQ KTDKKEILKK SEKDNTNSKVS KVPKPGKVRW TGSRTRGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEKESEEA ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPLI MIIPDGEWFC PPCQHKLLCE KLEEQLQDLD VALKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPPQ EPDFSEDQEE KKDKSKSKA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHRGKDIST ILDEKIIT 398

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

SSEKGSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRRISSG WFGRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFLSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFKK ISFLSVFCKA180
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- 10 :
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:
- 15 GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASPLPLKLGRL FGGVTRGFNM RIEKCYFCGS PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFRF CKSKCHKNFK KKRNPRAKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KROAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202
- 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:
- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 30 :
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:
- 40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60
ITLFDTTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84
- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:
- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
45 (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVS AVMAF LASGPYLTHQ QKV LRLYKRA LRHLESWCVQ 60
10 RDKYRYFA CL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGT SYER120
YDCYKVPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWK KLRRESW EREV KQLQEE TPPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGR CMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNNS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNNS 80

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

30

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLs PDGQYVPRIM FVDPSLTVA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PROATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAAS CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLNXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
WXRTYRLGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALwdxaw GLXXXGSXQX RKKEAXWCvx VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFm 150

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
15 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

30 RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLLTGMAFF KMREMFFEDH IDDAKYCGHL60
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 35 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 5 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLSN NSMQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMNDA IDDPMGDEED EEEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRD 226

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 30 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFIISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLISVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- 50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDQQR EEEKVKR SVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEAAA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

- 20 (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEHSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 45 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
10 CAPSEKFLNM GAPLGVGGLV VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPavyHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYgidRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

40

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
TRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGKGICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHILMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGVI180
QHKEKCNQ 188

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
10 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

25 SKFGHIPGPQ RFEMIROAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLWE DETLGCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

30

- (A) LÄNGE: 320 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLMPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
50 YIWNNGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
20 AEAAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSLDQ SNVTEETPEG EEEHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFID LGRPGRRGGR GRGGRRGGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
45 EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPCHR HV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HHKGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

- (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSCl TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNWLWQHL LTNFVVCF 208

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
5 umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13,
10 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12,
20 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108,
30 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12,
35 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
45
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.
50

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10

11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

20

13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

25

14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

30

15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

35

16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.

40

17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

45

18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

50

19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

20

24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.

25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

35

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.

40

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

45

31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

50

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 30 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 35 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.



1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

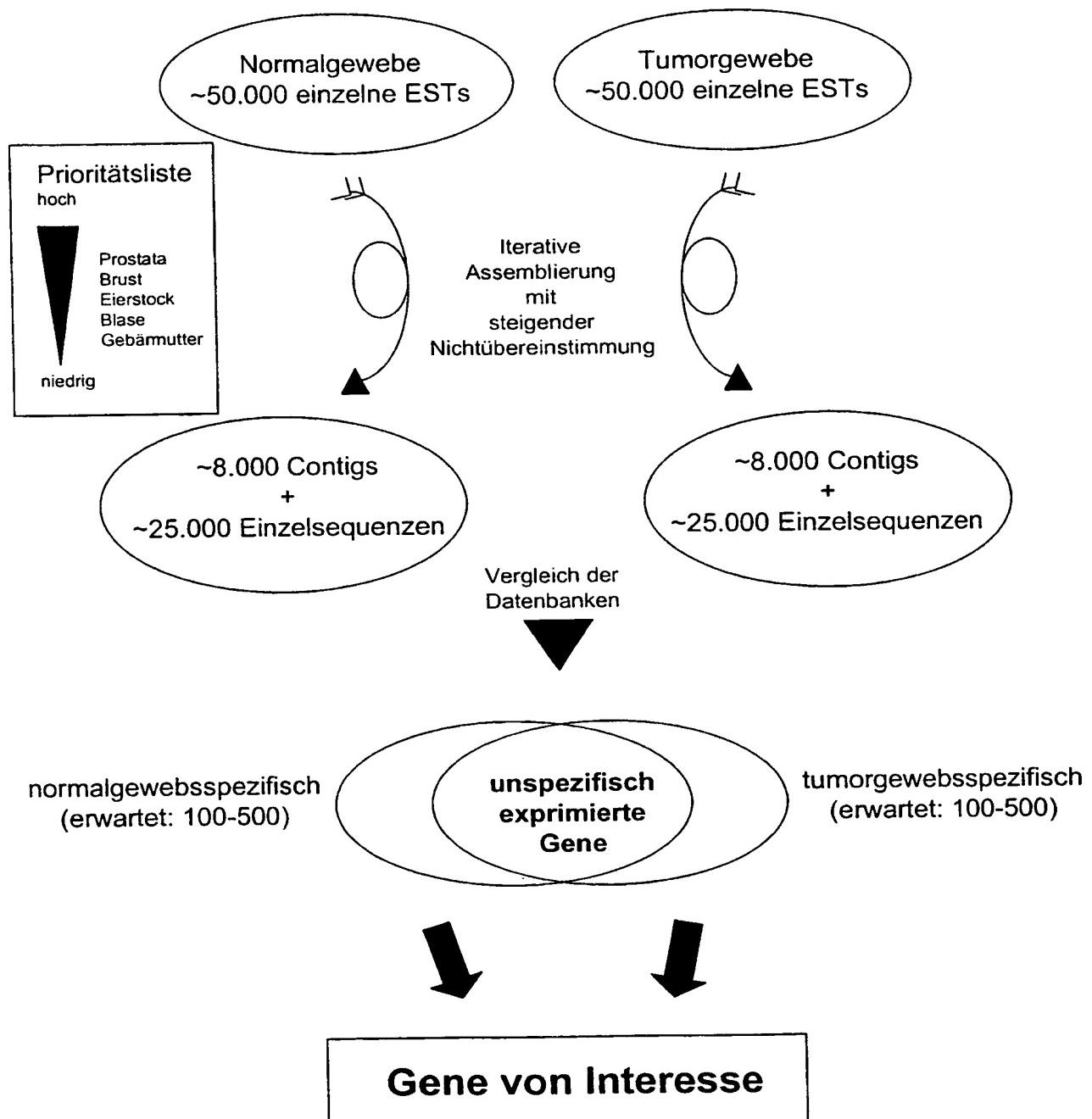


Fig. 1



2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

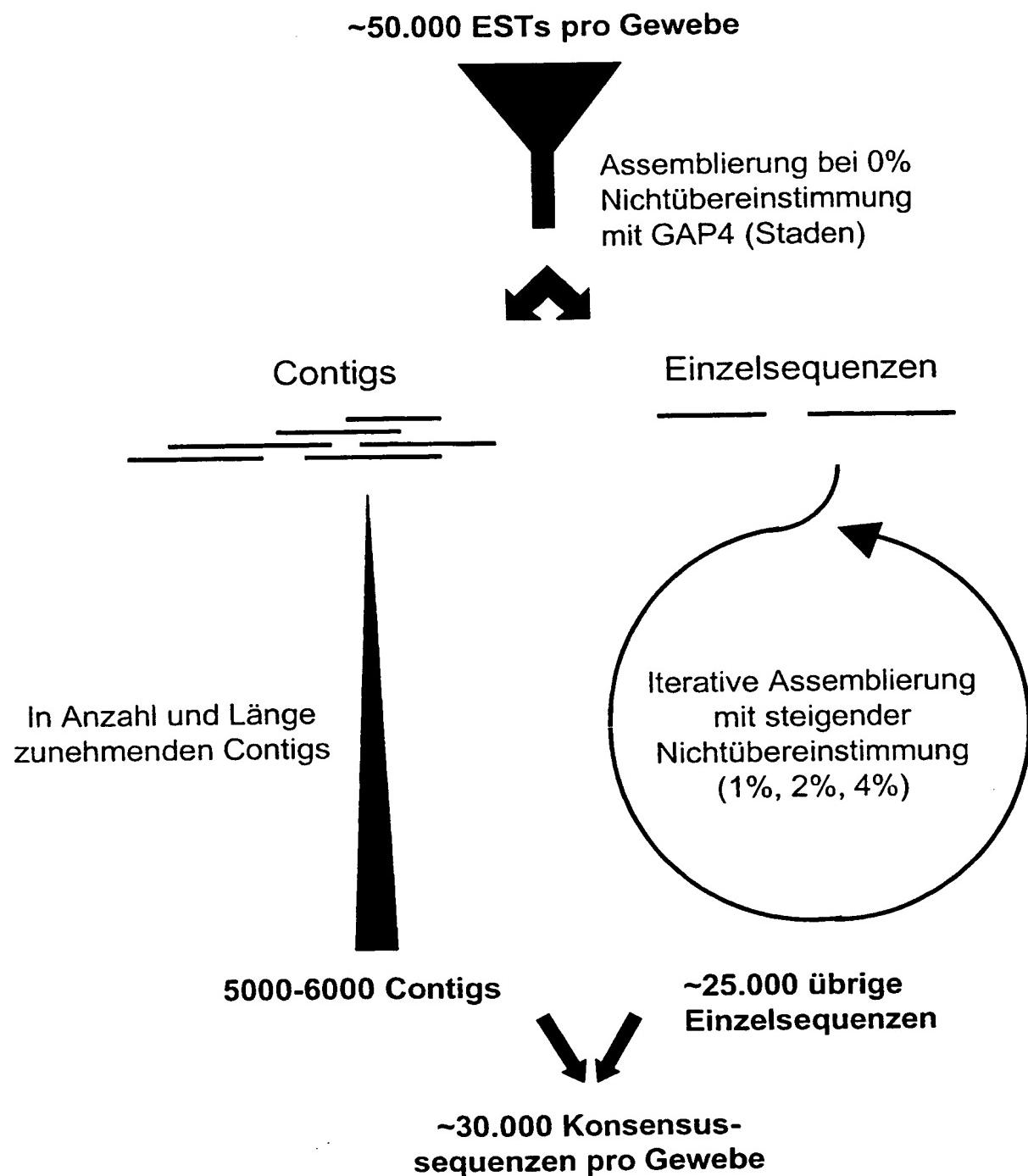


Fig. 2a



3/10

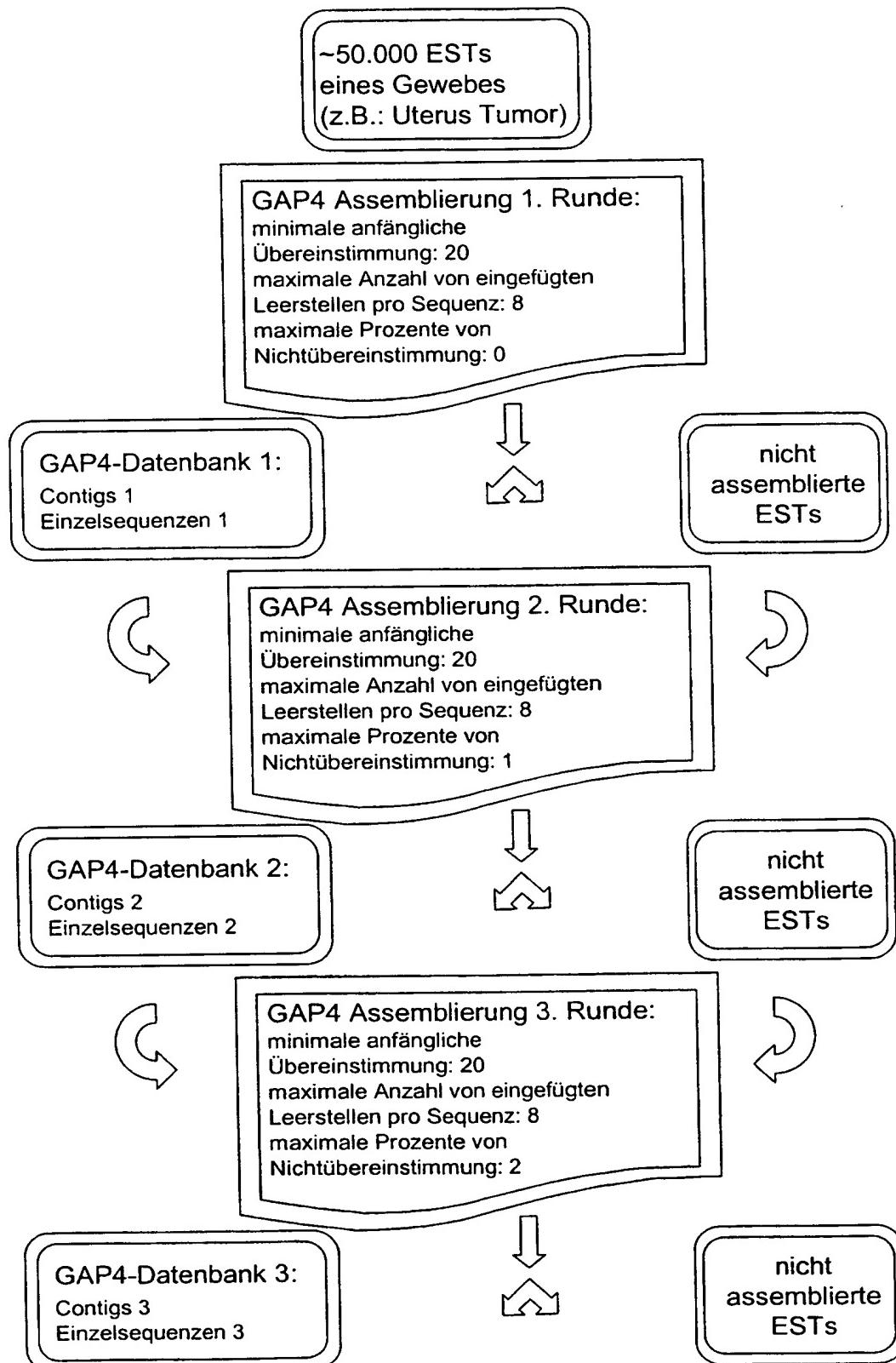


Fig. 2b1



4/10

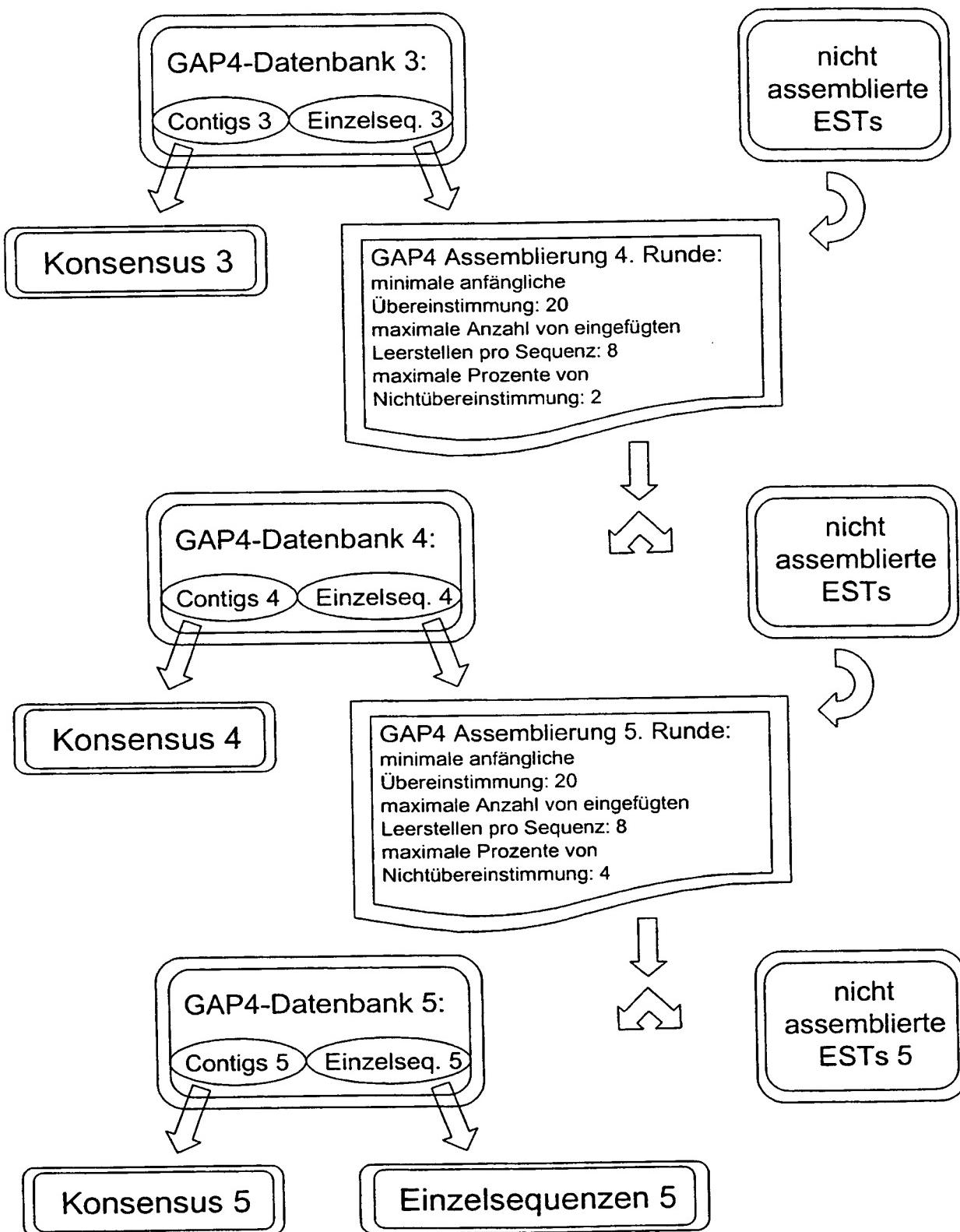


Fig. 2b2



5/10

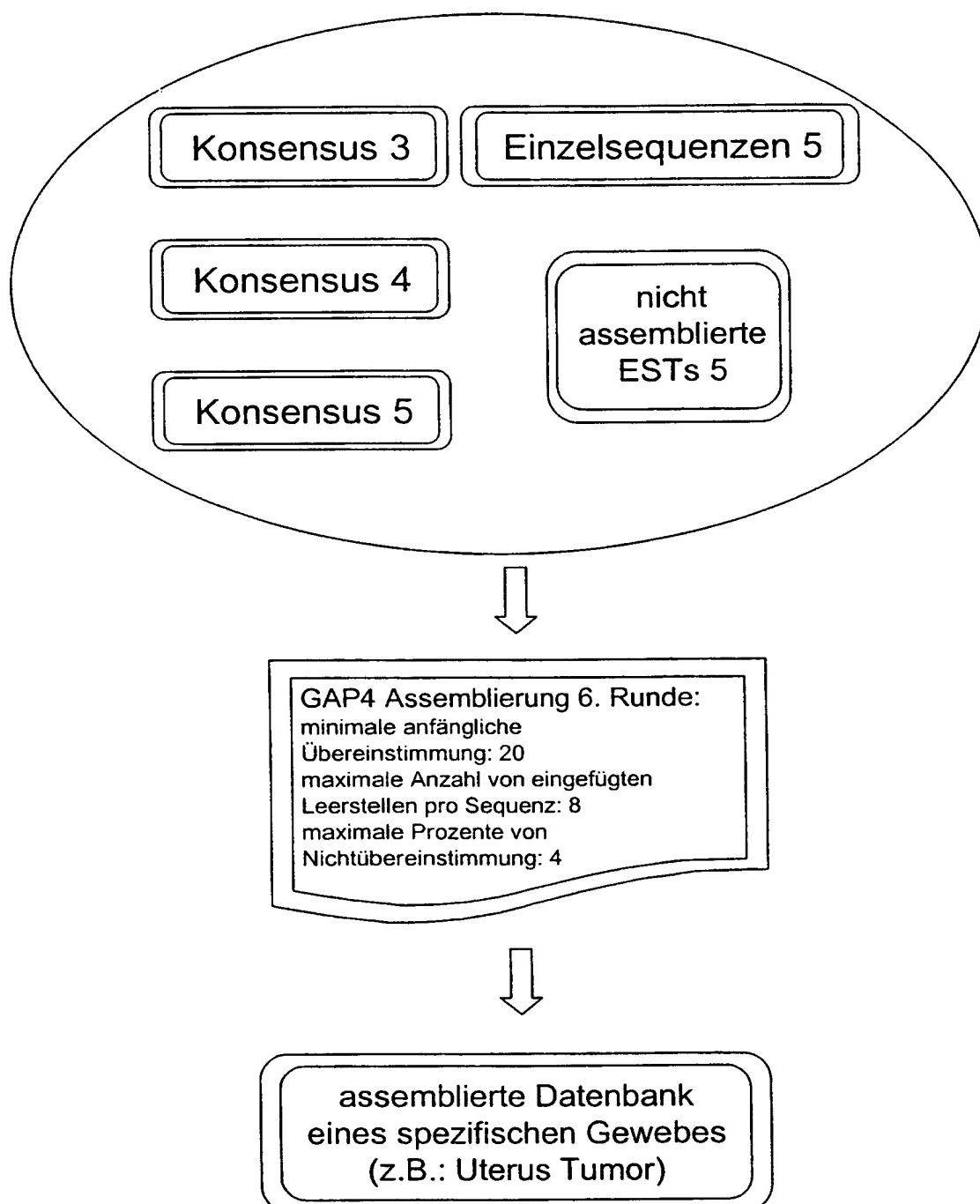


Fig. 2b3



6/10

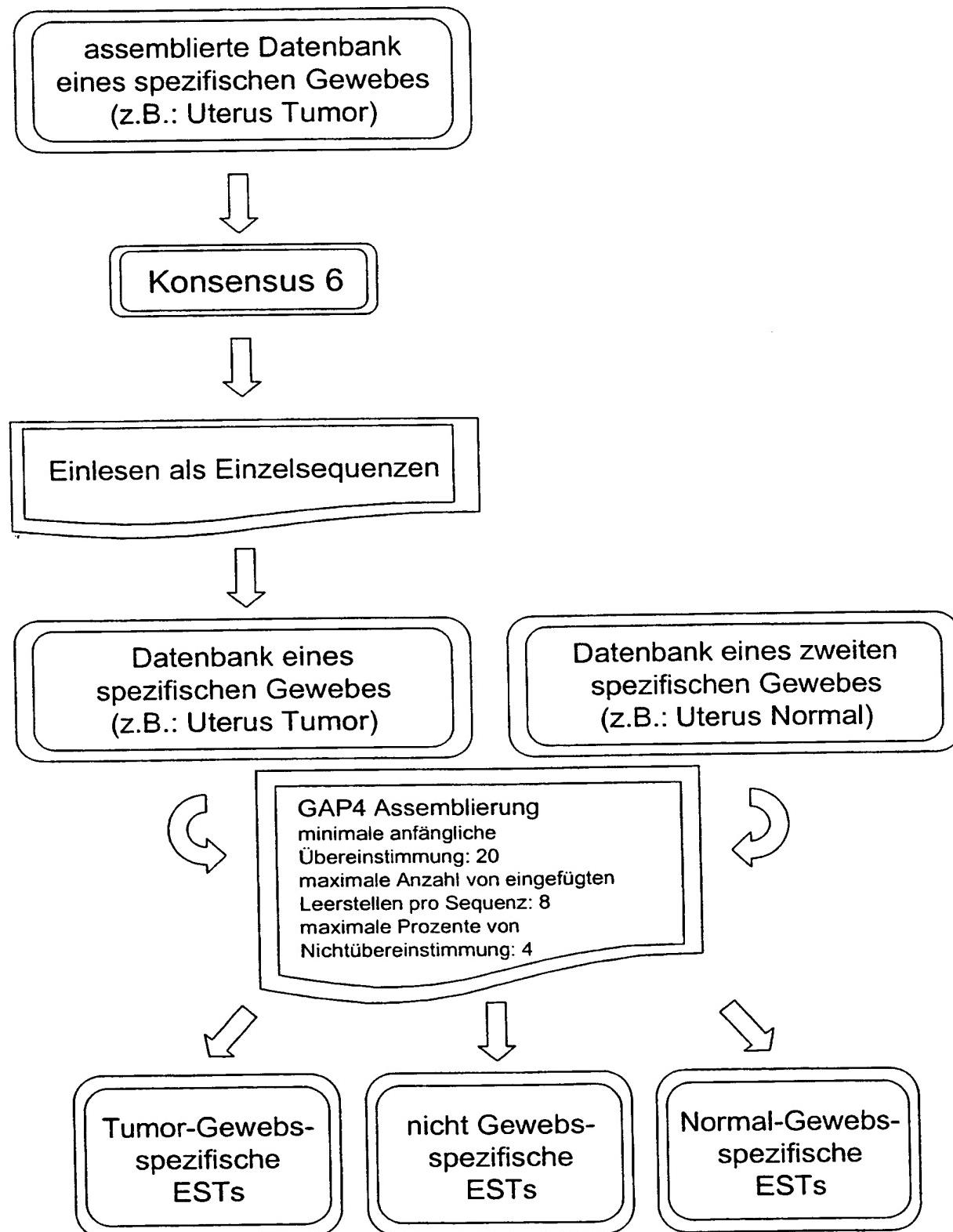


Fig. 2b4



7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe

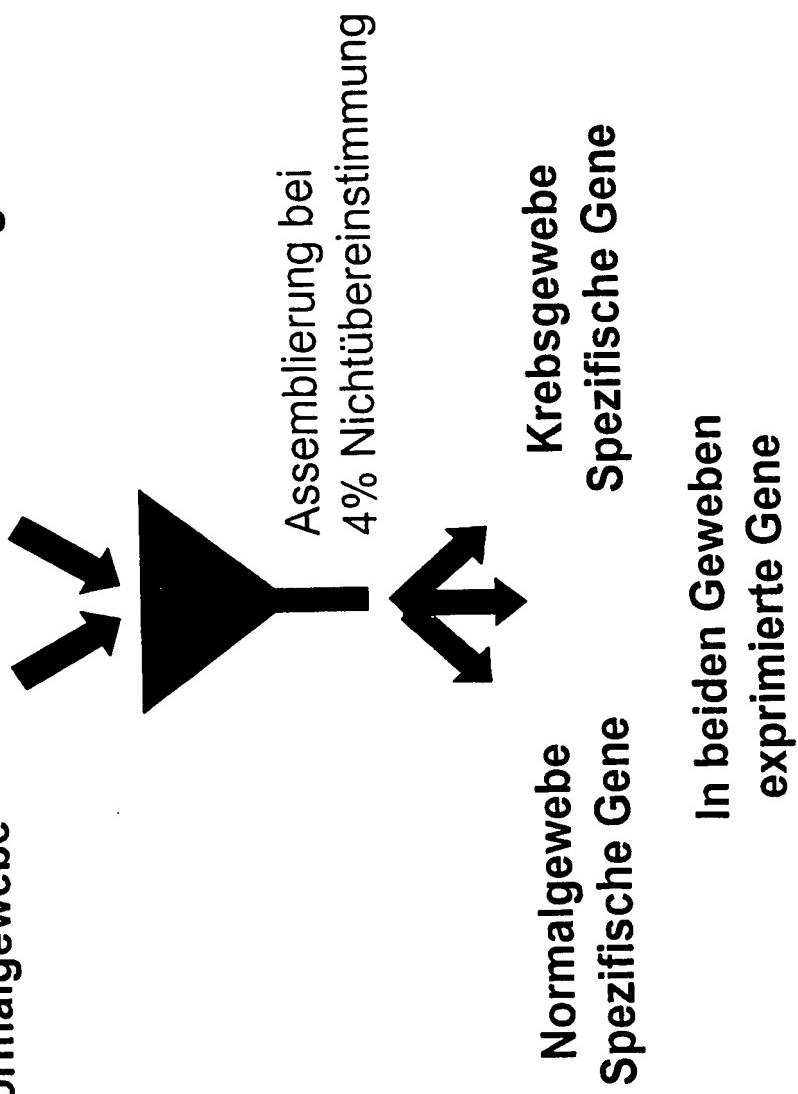


Fig. 3



8/10



Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a



9/10

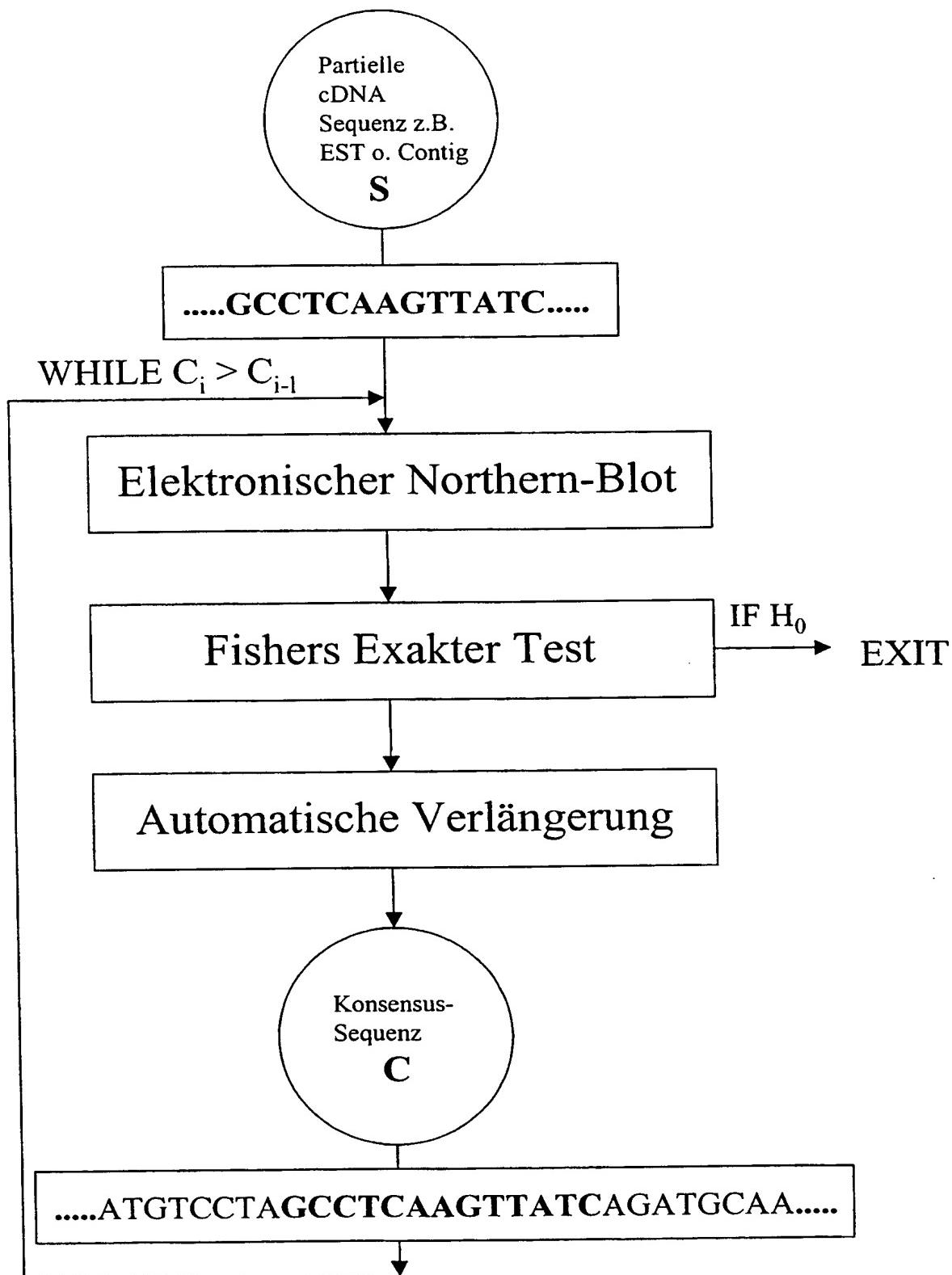


Fig. 4b



10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal

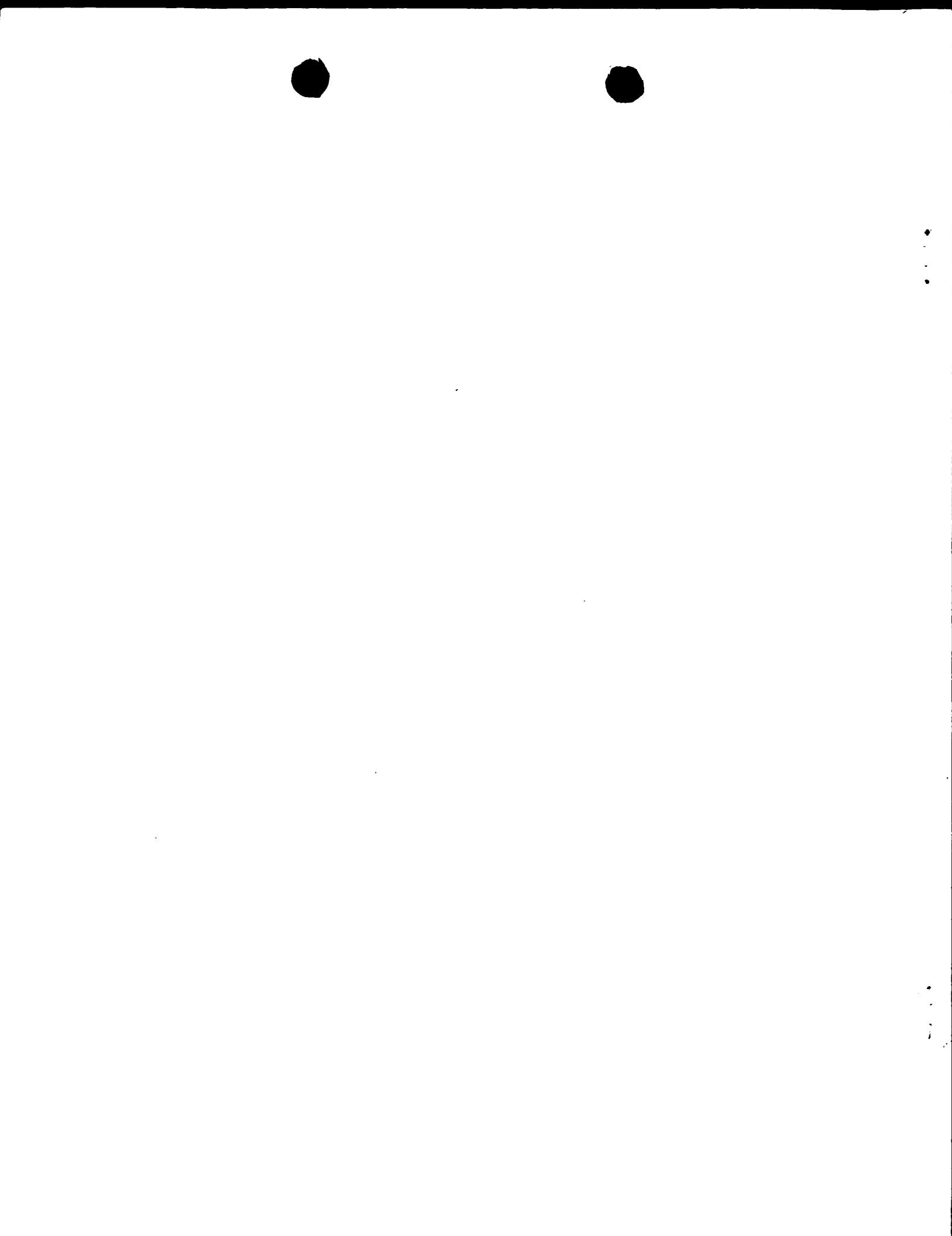


Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5



10/prts.

09/646778

422 Res PCT/PTO 22 SEP 2000

WORLD INTELLECTUAL PROPERTY ORGANIZATION

PCT

International Office

INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED ACCORDING TO THE
INTERNATIONAL PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(51) International Patent Classification⁶:

C12N 15/00

A2

(11) International Publication Number: WO 99/53040

(43) International Publication Date: October 21, 1999
(10/21/1999)

(21) International File Number: PCT/DE99/01087

(22) International Application Date: April 7, 1999 (4/7/99)

(30) Priority Data: 198 17 557.4 April 9, 1998 (4/9/98) DE

(71) Applicant (for all designated countries except US): METAGEN
GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63,
D-14195 Berlin (DE).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/applicants (only for US): SPECHT, Thomas [DE/DE];
Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd
[DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT,
Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE).
PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-
01474 Schönenfeld-Weißenberg (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-
Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André
[DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

(81) Designated countries: JP, US, European patent (AT, BE, CH,
CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

655840100

300S 532 2 S SPANISH 2018 SSP

09/646778

422 Rec'd PCT/PTO 22 SEP 2000.

Published

Without international search report and to be republished
after receipt of the report.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOR
TISSUE

(57) Abstract

Human nucleic acid sequences -- mRNA, cDNA, genomic sequences -- from ovarian tumor tissue, which code for gene products or parts thereof, and their use, are described. In addition, the polypeptides that can be obtained by way of the sequences and their use are described.

85504638

09/646778

422 Rec'd PCT/PTO 22 SEP 2000

FOR INFORMATION ONLY

Codes used for identifying PCT member countries
sheets of the publications of international applicatio.
according to the PCT.

AL	Albania
AM	Armenia
AT	Austria
AU	Australia
AZ	Azerbaijan
BA	Bosnia-Herzegovina
BB	Barbados
BE	Belgium
BF	Burkina Faso
BG	Bulgaria
BJ	Benin
BR	Brazil
BY	Belarus
CA	Canada
CF	Central African Republic
CG	Congo
CH	Switzerland
CI	Ivory Coast
CM	Cameroon
CN	China
CU	Cuba
CZ	The Czech Republic
DE	Germany
DK	Denmark
EE	Estonia
ES	Spain
FI	Finland
FR	France
GA	Gabon
GB	United Kingdom
GE	Georgia
GH	Ghana
GN	Guinea
GR	Greece
HU	Hungary
IE	Ireland
IL	Israel
IS	Iceland
IT	Italy
JP	Japan
KE	Kenya
KG	Kyrgyzstan
KP	Democratic People's Republic of Korea
KR	Republic of Korea
KZ	Kazakhstan

55840 126

0005 932.52 0717096584

09/646778

422 Recd PCT/PTO 22 SEP 2000.

LC	St. Lucia
LI	Liechtenstein
LK	Sri Lanka
LR	Liberia
LS	Lesotho
LT	Lithuania
LU	Luxembourg
LV	Latvia
MC	Monaco
MD	Republic of Moldova
MG	Madagascar
MK	the former Yugoslavian Republic of Macedonia
ML	Mali
MN	Mongolia
MR	Mauritania
MW	Malawi
MX	Mexico
NE	Niger
NL	The Netherlands
NO	Norway
NZ	New Zealand
PL	Poland
PT	Portugal
RO	Romania
RU	Russian Federation
SD	Sudan
SE	Sweden
SG	Singapore
SI	Slovenia
SK	Slovakian Republic
SN	Senegal
SZ	Swaziland
TD	Chad
TG	Togo
TJ	Tajikistan
TM	Turkmenistan
TR	Turkey
TT	Trinidad and Tobago
UA	The Ukraine
UG	Uganda
US	United States of America
UZ	Uzbekistan
VN	Vietnam
YU	Yugoslavia
ZW	Zimbabwe

855348126

0005 932 22 OTMAY09 63071 SSA

**VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT
AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS**

PCT

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

(Artikel 18 sowie Regeln 43 und 44 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51580AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN siehe Mitteilung über die Übermittlung des internationalen Recherchenberichts (Formblatt PCT/ISA/220) sowie, soweit zutreffend, nachstehender Punkt 5	
Internationales Aktenzeichen PCT / DE 99/ 01087	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 07/04/1999	(Frühestes) Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 09/04/1998
Anmelder MetaGen GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		

Dieser internationale Recherchenbericht wurde von der Internationalen Recherchenbehörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 18 übermittelt. Eine Kopie wird dem Internationalen Büro übermittelt.

Dieser internationale Recherchenbericht umfaßt insgesamt 5 Blätter.

Darüber hinaus liegt ihm jeweils eine Kopie der in diesem Bericht genannten Unterlagen zum Stand der Technik bei.

1. Grundlage des Berichts

- a. Hinsichtlich der **Sprache** ist die internationale Recherche auf der Grundlage der internationalen Anmeldung in der Sprache durchgeführt worden, in der sie eingereicht wurde, sofern unter diesem Punkt nichts anderes angegeben ist.
 - Die internationale Recherche ist auf der Grundlage einer bei der Behörde eingereichten Übersetzung der internationalen Anmeldung (Regel 23.1 b)) durchgeführt worden.
 - b. Hinsichtlich der in der internationalen Anmeldung offenbarten **Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz** ist die internationale Recherche auf der Grundlage des Sequenzprotokolls durchgeführt worden, das
 - in der internationalen Anmeldung in schriftlicher Form enthalten ist.
 - zusammen mit der internationalen Anmeldung in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.
 - bei der Behörde nachträglich in schriftlicher Form eingereicht worden ist.
 - bei der Behörde nachträglich in computerlesbarer Form eingereicht worden ist.
 - Die Erklärung, daß das nachträglich eingereichte schriftliche Sequenzprotokoll nicht über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung im Anmeldezeitpunkt hinausgeht, wurde vorgelegt.
 - Die Erklärung, daß die in computerlesbarer Form erfaßten Informationen dem schriftlichen Sequenzprotokoll entsprechen, wurde vorgelegt.
2. Bestimmte Ansprüche haben sich als nicht recherchierbar erwiesen (siehe Feld I).
3. Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung (siehe Feld II).
4. Hinsichtlich der Bezeichnung der Erfindung
 - wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.
 - wurde der Wortlaut von der Behörde wie folgt festgesetzt:
5. Hinsichtlich der Zusammenfassung
 - wird der vom Anmelder eingereichte Wortlaut genehmigt.
 - wurde der Wortlaut nach Regel 38.2b) in der in Feld III angegebenen Fassung von der Behörde festgesetzt. Der Anmelder kann der Behörde innerhalb eines Monats nach dem Datum der Absendung dieses internationalen Recherchenberichts eine Stellungnahme vorlegen.
6. Folgende Abbildung der Zeichnungen ist mit der Zusammenfassung zu veröffentlichen: Abb. Nr. _____
 - wie vom Anmelder vorgeschlagen
 - weil der Anmelder selbst keine Abbildung vorgeschlagen hat.
 - weil diese Abbildung die Erfindung besser kennzeichnet.

keine der Abb.



Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich

3. Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

1 - 41 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
 Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.



WEITERE ANGABEN	PCT/ISA/ 210
1. Ansprüche: 1-41, alle teilweise	Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.
2. Ansprüche: 1-41, alle teilweise	ERFINDUNGEN 2-139: Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.



INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

DE 99/01087

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGS- GEGENSTANDES					
IPK 6	C07K14/82	C07K14/335	C07K14/705	C12Q1/68	C12N15/10
G01N33/574					

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie ^o	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368 Zusammenfassung	1-41
P,X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15. März 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" Zusammenfassung ---	1
X	DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2. Oktober 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 Zusammenfassung ---	1
		-/-

Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

Siehe Anhang Patentfamilie

- * Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :
- "A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
- "E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
- "L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
- "O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
- "P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

- "T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist
- "X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden
- "Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist
- "&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche	Absendedatum des internationalen Recherchenberichts
21. Januar 2000	02.04.00
Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Bevollmächtigter Bediensteter HERMANN R.



INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01087

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGEGENENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 227 XP002128390 Zusammenfassung ---	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., Bd. 40, Nr. 2, 1991, Seite 184 XP002128391 Zusammenfassung ---	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, Bd. 30a, Nr. 8, 1994, Seiten 1096-1099, XP002128392 Zusammenfassung -----	1-41



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No.

PCT/DE 99/01087

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/82 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10
G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 6 C07K C12Q C12N G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368 abstract	1-41
P,X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15 March 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" abstract ---	1
X	DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2 October 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 abstract ---	1
		-/-

Further documents are listed in the continuation of box C.

Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- "A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- "E" earlier document but published on or after the international filing date
- "L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- "O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- "P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- "T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- "X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- "Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- "&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 January 2000

Date of mailing of the international search report

07.04.00

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl.
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

HERMANN R.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int'l. Appl. No.

PCT/DE 99/01087

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., vol. 36, no. 0, 1995, page 227 XP002128390 abstract ----	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., vol. 40, no. 2, 1991, page 184 XP002128391 abstract ----	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, vol. 30a, no. 8, 1994, pages 1096-1099, XP002128392 abstract -----	1-41

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. Claims Nos.: because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. Claims Nos.: because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:

3. Claims Nos.: because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims nos: 1-41 (all in part)

Remark on Protest

The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

No protest accompanied the payment of additional search fees.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/DE 99/01087

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Field II.4 (continued)

1. Claims nos: 1-41, all in part

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO. 1, variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

2. Claims nos: 1-41, all in part

INVENTIONS: 2-139:

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO 1, variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

Translation

1601

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

(PCT Article 36 and Rule 70)

1631
RECEIVED

JAN 31 2001
TELEFON CENTER 160012000

Applicant's or agent's file reference 51580AWOM1XX24-P	FOR FURTHER ACTION See Notification of Transmittal of International Preliminary Examination Report (Form PCT/IPEA/416)	
International application No. PCT/DE99/01087	International filing date (<i>day/month/year</i>) 07 April 1999 (07.04.99)	Priority date (<i>day/month/year</i>) 09 April 1998 (09.04.98)
International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC C07K 14/82		
Applicant METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH		

1. This international preliminary examination report has been prepared by this International Preliminary Examining Authority and is transmitted to the applicant according to Article 36.
2. This REPORT consists of a total of 6 sheets, including this cover sheet.

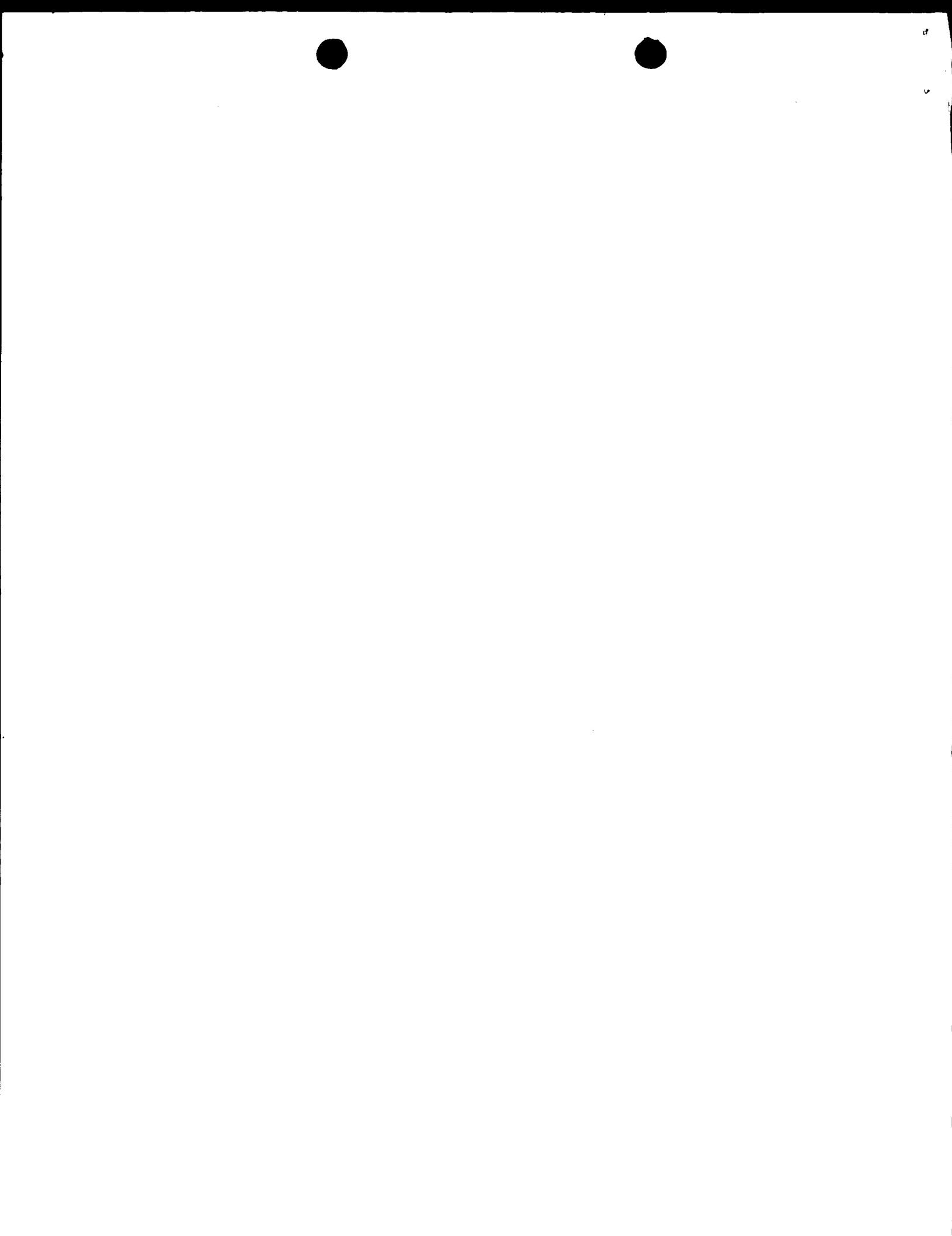
This report is also accompanied by ANNEXES, i.e., sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and are the basis for this report and/or sheets containing rectifications made before this Authority (see Rule 70.16 and Section 607 of the Administrative Instructions under the PCT).

These annexes consist of a total of _____ sheets.

3. This report contains indications relating to the following items:

- I Basis of the report
- II Priority
- III Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
- IV Lack of unity of invention
- V Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
- VI Certain documents cited
- VII Certain defects in the international application
- VIII Certain observations on the international application

Date of submission of the demand 08 October 1999 (08.10.99)	Date of completion of this report 14 August 2000 (14.08.2000)
Name and mailing address of the IPEA/EP	Authorized officer
Facsimile No.	Telephone No.



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

I. Basis of the report

1. This report has been drawn on the basis of (*Replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to the report since they do not contain amendments.*):

the international application as originally filed.

the description, pages 1-319, as originally filed,
pages _____, filed with the demand,
pages _____, filed with the letter of _____,
pages _____, filed with the letter of _____.

the claims, Nos. 1-41, as originally filed,
Nos. _____, as amended under Article 19,
Nos. _____, filed with the demand,
Nos. _____, filed with the letter of _____,
Nos. _____, filed with the letter of _____.

the drawings, sheets/fig 1/10-10/10, as originally filed,
sheets/fig _____, filed with the demand,
sheets/fig _____, filed with the letter of _____,
sheets/fig _____, filed with the letter of _____.

2. The amendments have resulted in the cancellation of:

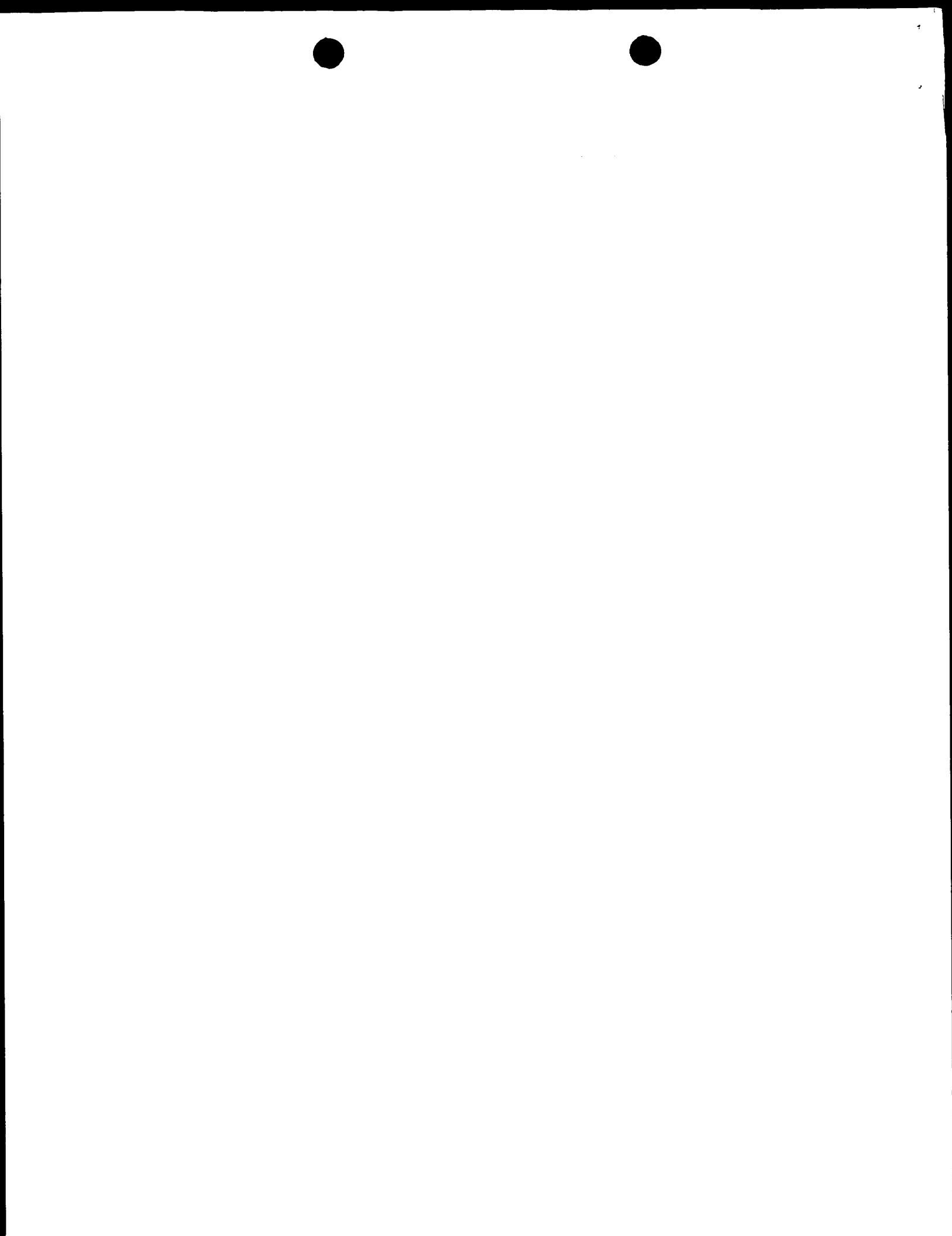
the description, pages _____

the claims, Nos. _____

the drawings, sheets/fig _____

3. This report has been established as if (some of) the amendments had not been made, since they have been considered to go beyond the disclosure as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rule 70.2(c)).

4. Additional observations, if necessary:



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01087

III. Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability

The questions whether the claimed invention appears to be novel, to involve an inventive step (to be non obvious), or to be industrially applicable have not been examined in respect of:

- the entire international application.
- claims Nos. 27,30-35,38.

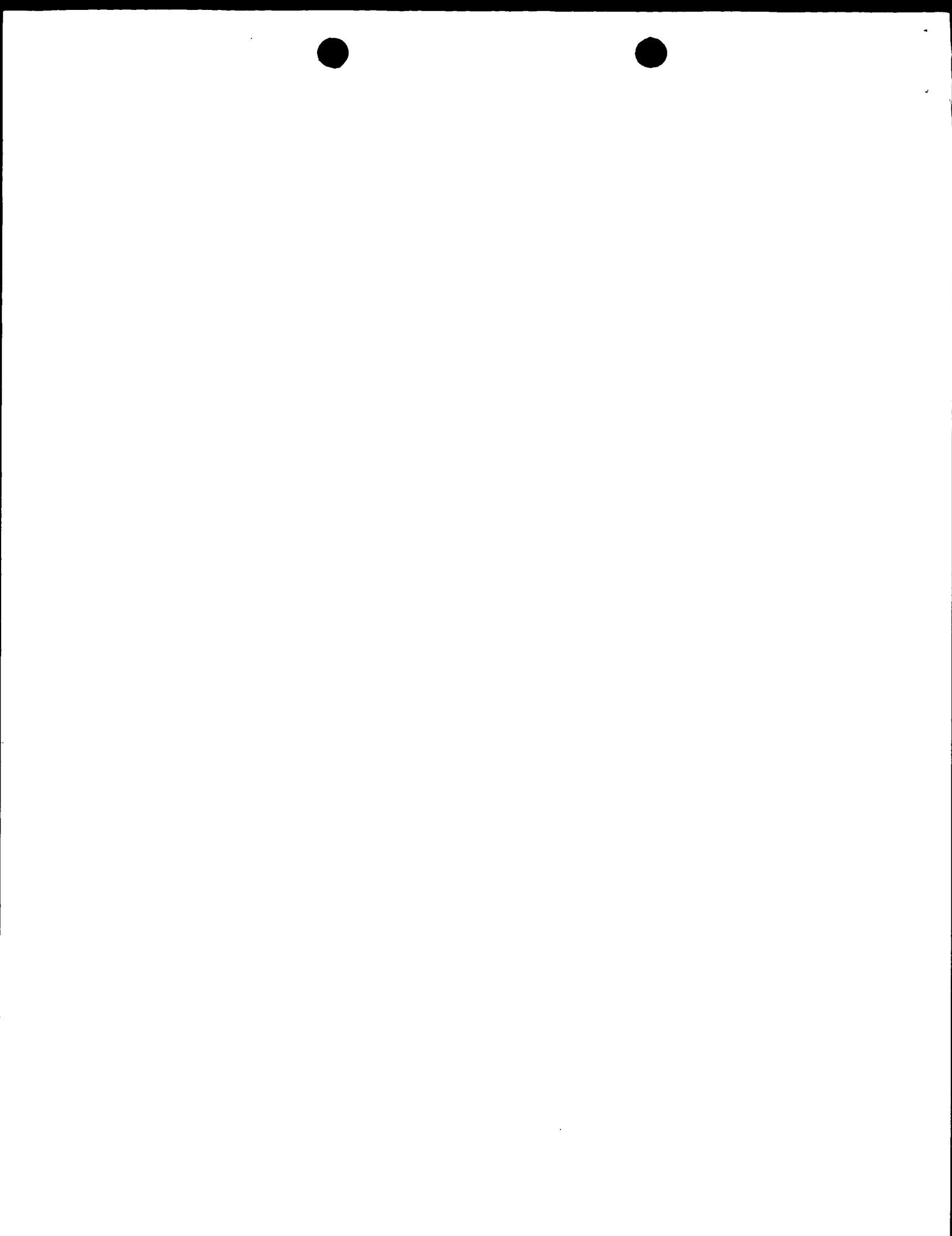
because:

- the said international application, or the said claims Nos. _____ relate to the following subject matter which does not require an international preliminary examination (*specify*):

- the description, claims or drawings (*indicate particular elements below*) or said claims Nos. 27 are so unclear that no meaningful opinion could be formed (*specify*):

See the supplemental box.

- the claims, or said claims Nos. 30-35,38 are so inadequately supported by the description that no meaningful opinion could be formed.
- no international search report has been established for said claims Nos. _____.



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE99/01087

IV. Lack of unity of invention

1. In response to the invitation to restrict or pay additional fees the applicant has:

- restricted the claims.
- paid additional fees.
- paid additional fees under protest.
- neither restricted nor paid additional fees.

2. This Authority found that the requirement of unity of invention is not complied with and chose, according to Rule 68.1, not to invite the applicant to restrict or pay additional fees.

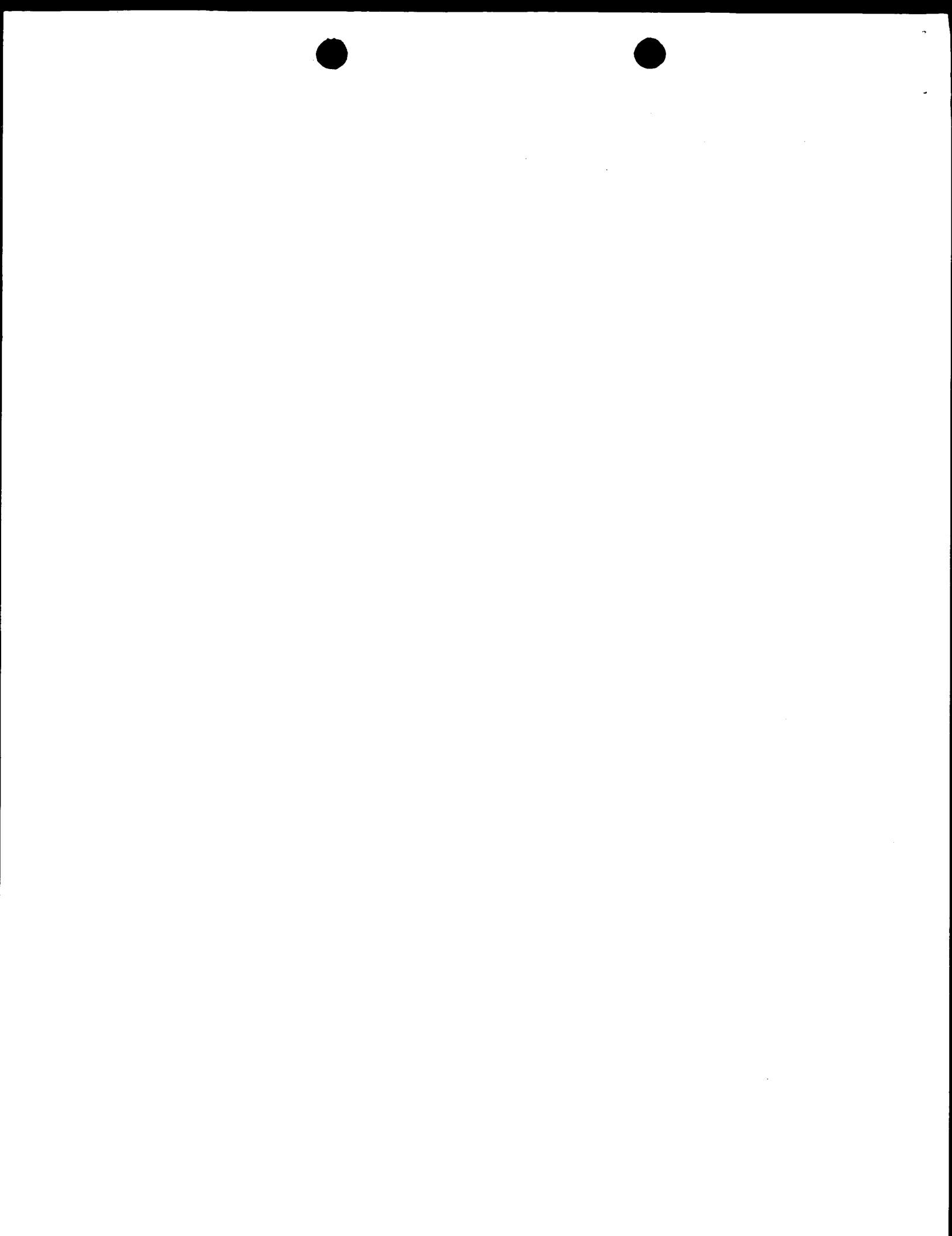
3. This Authority considers that the requirement of unity of invention in accordance with Rules 13.1, 13.2 and 13.3 is

- complied with.
- not complied with for the following reasons:

See the supplemental sheet.

4. Consequently, the following parts of the international application were the subject of international preliminary examination in establishing this report:

- all parts.
- the parts relating to claims Nos. _____ I-41. _____



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

V. Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement**1. Statement**

Novelty (N)	Claims	<u>2-5, 12-23, 28, 29, 39, 40</u>	YES
	Claims	<u>1, 6-11, 24-26, 36, 37, 41</u>	NO
Inventive step (IS)	Claims		YES
	Claims	<u>2-5, 12-23, 28, 29, 39, 40</u>	NO
Industrial applicability (IA)	Claims		YES
	Claims	<u>1-41</u>	NO

2. Citations and explanations

D1 (DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2 October 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: 'human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22' XP002128393) describes an EST sequence that is largely homologous or identical to Seq ID No 1. With respect to said document, claims pertaining to partial nucleic acid sequences, but also to partial polypeptide sequences, are not novel (Claims 1, 6 to 11, 24 to 26, 36 and 37, 41). Claims 12 to 23, 28 and 29, 39 and 40 pertain to obvious modifications or uses of the claimed nucleic acid sequences (for example, insertion into a vector) that are totally lacking in inventive step over D1.

Further, the provision of a complete DNA sequence for which no function was determined is neither inventive nor industrially applicable. Therefore, Claims 2 to 5 also fail to satisfy the requirements of PCT Article 33(3).

The application does not describe (see Box III) any subject that could involve an inventive step, such as the definition of the function of the protein and the therapeutic uses of the protein. The teaching of the present application fails to go beyond the disclosure of D1 (in both cases only an EST was isolated).



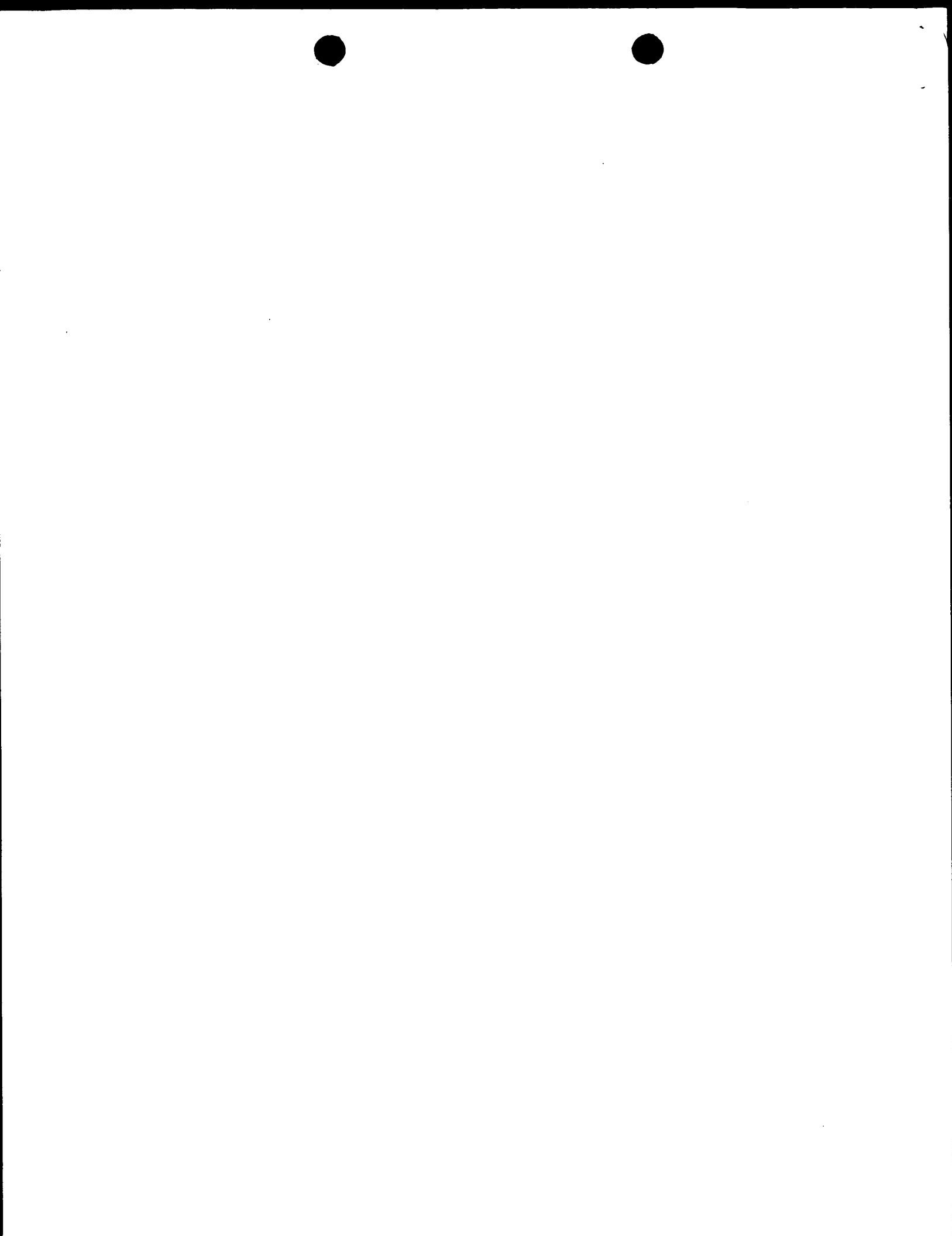
INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORTInternational application No.
PCT/DE 99/01087**Supplemental Box**

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of: IV

The present application pertains to EST sequences that are preferably expressed in the tissue of an ovarian tumor. The corresponding complete proteins were, however, not provided, not to mention that no function was determined for the researched Seq ID No. 1.

Because only a partial search was conducted, in view of the objection raised in the search report with reference to PCT Rules 13.1 to 13.3, the present report is accordingly limited to the researched subject.



INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINATION REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Supplemental Box

(To be used when the space in any of the preceding boxes is not sufficient)

Continuation of III

Further, the present set of claims contains claims that are insufficiently disclosed, because the application does not contain any experimental data. This pertains in particular to use Claims 30 to 34, but also to the products according to Claims 35 and 38. No function was determined for the protein and thus the uses are purely speculative. Splice variants, enhancer silencers, exon structures and intron structures were not specified. Therefore, said subject lacks the support required by PCT Article 6.

Claim 27 is totally unclear because the protein is not technically defined. An examination on the basis of said claim is not possible.

Therefore, it is the opinion of the examiner that the present application contains no subject that is novel and inventive with respect to PCT Article 33(2) and (3).



77

**VERTRAG ÜBER INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM
GEBIET DES PATENTWESENS**

PCT

REC'D 18 AUG 2000
WIPO PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

(Artikel 36 und Regel 70 PCT)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts 51580AWOM1XX24-P	WEITERES VORGEHEN	siehe Mitteilung über die Übersendung des internationalen vorläufigen Prüfungsbericht (Formblatt PCT/IPEA/416)
Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01087	Internationales Anmeldedatum(Tag/Monat/Jahr) 07/04/1999	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Tag) 09/04/1998
Internationale Patentklassifikation (IPK) oder nationale Klassifikation und IPK C12N15/00		
Anmelder MetaGen GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH et al.		

<p>1. Dieser internationale vorläufige Prüfungsbericht wurde von der mit der internationale vorläufigen Prüfung beauftragte Behörde erstellt und wird dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt.</p> <p>2. Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 6 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.</p> <p><input type="checkbox"/> Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; dabei handelt es sich um Blätter mit Beschreibungen, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit vor dieser Behörde vorgenommenen Berichtigungen (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsrichtlinien zum PCT).</p> <p>Diese Anlagen umfassen insgesamt Blätter.</p>
<p>3. Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:</p> <ul style="list-style-type: none"> I <input checked="" type="checkbox"/> Grundlage des Berichts II <input type="checkbox"/> Priorität III <input checked="" type="checkbox"/> Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erforderliche Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit IV <input checked="" type="checkbox"/> Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung V <input checked="" type="checkbox"/> Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erforderliche Tätigkeit und der gewerbliche Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung VI <input type="checkbox"/> Bestimmte angeführte Unterlagen VII <input type="checkbox"/> Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung VIII <input checked="" type="checkbox"/> Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Datum der Einreichung des Antrags 08/10/1999	Datum der Fertigstellung dieses Berichts 14.08.2000
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde:  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epru d Fax: +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter Vollbach, S Tel. Nr. +49 89 2399 8715





**INTERNATIONALER VORLÄUFIGER
PRÜFUNGSBERICHT**

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01087

I. Grundlage des Berichts

1. Dieser Bericht wurde erstellt auf der Grundlage (*Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigefügt, weil sie keine Änderungen enthalten.:*)

Beschreibung, Seiten:

1-319 ursprüngliche Fassung

Patentansprüche, Nr.:

1-41 ursprüngliche Fassung

Zeichnungen, Blätter:

1/10-10/10 ursprüngliche Fassung

2. Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- Beschreibung, Seiten:
 Ansprüche, Nr.:
 Zeichnungen, Blatt:

3. Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der Änderungen erstellt worden, da diese aus den angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2(c)):

4. Etwaige zusätzliche Bemerkungen:

III. Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erforderliche Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit

Folgende Teile der Anmeldung wurden nicht daraufhin geprüft, ob die beanspruchte Erfindung als neu, auf erforderlicher Tätigkeit beruhend (nicht offensichtlich) und gewerblich anwendbar anzusehen ist:

- die gesamte internationale Anmeldung.
 Ansprüche Nr. 27,30-35,38.

Begründung:



INTERNATIONALER VORLÄUFIGER PRÜFUNGSBERICHT

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01087

- Die gesamte internationale Anmeldung, bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. beziehen sich auf den nachstehenden Gegenstand, für den keine internationale vorläufige Prüfung durchgeführt werden braucht (*genaue Angaben*):

- Die Beschreibung, die Ansprüche oder die Zeichnungen (*machen Sie hierzu nachstehend genaue Angaben*) oder die obengenannten Ansprüche Nr. 27 sind so unklar, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte (*genaue Angaben*):
siehe Beiblatt

- Die Ansprüche bzw. die obengenannten Ansprüche Nr. 30-35,38 sind so unzureichend durch die Beschreibung gestützt, daß kein sinnvolles Gutachten erstellt werden konnte.

- Für die obengenannten Ansprüche Nr. wurde kein internationaler Recherchenbericht erstellt.

IV. Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung

1. Auf die Aufforderung zur Einschränkung der Ansprüche oder zur Zahlung zusätzlicher Gebühren hat der Anmelder:
 - die Ansprüche eingeschränkt.
 - zusätzliche Gebühren entrichtet.
 - zusätzliche Gebühren unter Widerspruch entrichtet.
 - weder die Ansprüche eingeschränkt noch zusätzliche Gebühren entrichtet.

2. Die Behörde hat festgestellt, daß das Erfordernis der Einheitlichkeit der Erfindung nicht erfüllt ist, und hat gemäß Regel 68.1 beschlossen, den Anmelder nicht zur Einschränkung der Ansprüche oder zur Zahlung zusätzlicher Gebühren aufzufordern.

3. Die Behörde ist der Auffassung, daß das Erfordernis der Einheitlichkeit der Erfindung nach den Regeln 13.1, 13.2 und 13.3
 - erfüllt ist
 - aus folgenden Gründen nicht erfüllt ist:
siehe Beiblatt

4. Daher wurde zur Erstellung dieses Berichts eine internationale vorläufige Prüfung für folgende Teile der internationalen Anmeldung durchgeführt:
 - alle Teile.
 - die Teile, die sich auf die Ansprüche Nr. 1-41 teilweise beziehen.



**INTERNATIONALER VORLÄUFIGER
PRÜFUNGSBERICHT**

Internationales Aktenzeichen PCT/DE99/01087

V. Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche	2-5,12-23,28,29,39,40
	Nein: Ansprüche	1,6-11,24-26,36,37,41
Erfinderische Tätigkeit (ET)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	2-5,12-23,28,29,39,40
Gewerbliche Anwendbarkeit (GA)	Ja: Ansprüche	
	Nein: Ansprüche	1-41

2. Unterlagen und Erklärungen

siehe Beiblatt

VIII. Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung

Zur Klarheit der Patentansprüche, der Beschreibung und der Zeichnungen oder zu der Frage, ob die Ansprüche in vollem Umfang durch die Beschreibung gestützt werden, ist folgendes zu bemerken:

siehe Beiblatt



zu Punkt IV:

Die vorliegenden Anmeldung betrifft EST Sequenzen, die präferentiell in Ovariumorgewebe exprimiert werden. Die korrespondierenden, kompletten Proteine wurden jedoch nicht bereitgestellt, geschweige denn für die recherchierte Seq ID No. 1 eine Funktion ermittelt.

Da auf Grund des im Recherchenbericht erhobenen Einwandes unter Regel 13.1-13.3 PCT nur eine Teilrecherche durchgeführt wurde, ist der vorliegende Bericht entsprechend auf den recherchierten Gegenstand beschränkt.

zu Punkt V:

D1(DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2. Oktober 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: 'human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22' XP002128393) beschreibt eine EST Sequenz, die über weite Teile homolog bzw identisch mit der Seq ID No 1 ist. Im Hinblick auf dieses Dokument sind Ansprüche, die sich auf Nukleinsäure Teilsequenzen, aber auch auf die Polypeptid Teilsequenzen richten, nicht neu (Ansprüche 1,6-11,24-26,36,37,41). Die Ansprüche 12-23,28, 29,39 und 40 betreffen naheliegende Modifikationen oder Verwendungen der beanspruchten Nukleinsäure-Sequenzen (z.B. Insertion in einen Vektor), denen im Hinblick auf D1 jegliche erforderliche Tätigkeit fehlt.

Ferner gilt, daß auch die Bereitstellung einer kompletten DNA Sequenz, für die keine Funktion ermittelt wurde, weder auf einer erforderlichen Idee beruht noch industriell anwendbar ist. Daher sind auch die Ansprüche 2-5 unter Artikel 33(3) PCT nicht gewährbar.

Jeder Gegenstand, der eine erforderliche Tätigkeit begründen könnte, z.B. die Festlegung der Funktion des Proteins und die Verwendungen des Proteins in der Therapie, ist in der Anmeldung nicht beschrieben (siehe Punkt III.). Tatsächlich geht die Lehre der gegenwärtigen Anmeldung nicht über die Offenbarung von D1 hinaus (in beiden Fällen wurde lediglich eine EST isoliert).

zu Punkt III:

Des Weiteren enthält der vorliegende Anspruchsatz Ansprüche, die nicht ausreichend



offenbart sind, da die Anmeldung keine experimentellen Daten enthält. Das betrifft vor allem die Verwendungsansprüche 30-34, aber auch die Produkte gemäß des Ansprüche 35 und 38. Eine Funktion des Proteins wurde nicht bestimmt und somit sind die Verwendungen rein spekulativ. Splicevarianten, Enhancer Silencer, Exonstrukturen und Intronstrukturen wurden nicht festgelegt. Daher fehlt für diesen Gegenstand die Stützung gemäß Artikel 6 PCT.

Anspruch 27 ist völlig unklar, da das Protein technisch nicht definiert ist. Eine Prüfung auf der Basis dieser Anspruchs ist nicht möglich.

Daher wird die Auffassung vertreten, daß die vorliegende Anmeldung keinen Gegenstand enthält der neu und erfinderisch im Sinne der Artikel 33(2) und 33(3) PCT ist.



FENT COOPERATION TREA

PCT

NOTIFICATION OF ELECTION
(PCT Rule 61.2)

From the INTERNATIONAL BUREAU

To:

Assistant Commissioner for Patents
 United States Patent and Trademark
 Office
 Box PCT
 Washington, D.C.20231
 ÉTATS-UNIS D'AMÉRIQUE

in its capacity as elected Office

Date of mailing (day/month/year) 23 November 1999 (23.11.99)	
International application No. PCT/DE99/01087	Applicant's or agent's file reference 51580AWOM1XX24-P
International filing date (day/month/year) 07 April 1999 (07.04.99)	Priority date (day/month/year) 09 April 1998 (09.04.98)
Applicant SPECHT, Thomas et al	

1. The designated Office is hereby notified of its election made:

in the demand filed with the International Preliminary Examining Authority on:
08 October 1999 (08.10.99)

in a notice effecting later election filed with the International Bureau on:

2. The election was

was not

made before the expiration of 19 months from the priority date or, where Rule 32 applies, within the time limit under Rule 32.2(b).

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland	Authorized officer Antonia Muller
Facsimile No.: (41-22) 740.14.35	Telephone No.: (41-22) 338.83.38

